



Conferência: IMPACTOS GENÉTICOS ENTRE GERAÇÕES DAS DOENÇAS DE CHAGAS: A SUSTENTABILIDADE DAS POPULAÇÕES RURAIS

Marcílio Delan Baliza
Sibele Tozetto
Fabio Oliveira
Brenno Lira Sotolani
UFRB-CCS

RESUMO

O artigo registra as conferências do Congresso internacional de inovação tecnológica nas ciências da saúde: a sustentabilidade das práticas integrativas na agroecologia, mais especificamente a conferência: *Impactos genéticos entre gerações das doenças de chagas: a sustentabilidade das populações rurais*. A conferência apontou que o *T. cruzi* pode persistir por décadas dentro de célula não fagocíticas, sem algum dano ao hospedeiro. O protozoário passa para outras gerações de pessoas doentes da mesma família ao se multiplicar regulado pelas fosfatases, enquanto as quinases fosforilam e estimulam a divisão celular. O evento aconteceu de 15 a 18 de novembro de 2017 no IFBA SAJ sob a direção da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia.

Palavras-chave: Probabilidade. Decisões terapêuticas. Medicina Baseada em Evidência.

ABSTRACT

The article records the conferences of the International Congress on Technological Innovation in Health Sciences: The Sustainability of Integrative Practices in Agroecology, more specifically the conference: *Genetic Impacts of Generations of Chagas Diseases: The Sustainability of Rural Populations*. The conference pointed out that *T. cruzi* can persist for decades within non-phagocytic cells without any damage to the host. The protozoan passes to other generations of sick people in the same family by multiplying by phosphatases, while kinases phosphorylate and stimulate cell division. The event took place from November 15 to 18, 2017 at IFBA SAJ under the direction of the Federal University of Recôncavo da Bahia.

Keywords: Probability. Therapeutic decisions. Evidence Based Medicine.



O *Trypanosoma cruzi* transmitido ao homem pelos insetos hematófagos (Hemíptera; Reduviidae), pela transfusão de sangue e via placentária da mãe para o feto é endêmico na América Latina. As estimativas sugerem que 18 milhões de pessoas estão infectadas pelo *T. cruzi*, e cerca de 100 milhões estão sob risco de aquisição das infecções. Cerca de um terço da população com as infecções crônicas podem desenvolver manifestações da doença de Chagas no coração, intestinos e sistema nervoso periférico. A insuficiência cardíaca da doença de Chagas crônica pode ser letal entre dois a cinco anos após início dos sintomas. O *T. cruzi* pode persistir por décadas dentro de célula não fagocíticas, sem algum dano ao hospedeiro. O protozoário que hiberna no citoplasma da célula hospedeira tem sua multiplicação regulada pelas fosfatases, enquanto as quinases fosforilam e estimulam a divisão celular. Esta via bioquímica de regulação da replicação do protozoário explica as infecções críticas. A mitocôndria do *T. cruzi* tem grande quantidade de DNA extranuclear, conhecido como DNA do cinetoplasto (kDNA).

A rede de kDNA é composta de uma dúzia de maxicírculos e de milhares de minicírculos catenados, representando até 30% do DNA total da célula. Cada minicírculo de *T. cruzi* tem quatro regiões constantes entremeadas por regiões variáveis. O fenômeno de transferência lateral de sequências de minicírculos de kDNA do *T. cruzi* para o genoma do homem e de outros vertebrados foi documentado. As sequências de minicírculos de *T. cruzi* integraram, principalmente, em elementos retrotransponíveis presentes em cromossomos de aves, de coelhos e de humanos chagásicos com as manifestações clínicas da doença.

A integração do kDNA em elementos retrotransponíveis ocorre pelo mecanismo de recombinação homóloga. Verificou-se que pode haver recombinação e subsequente propagação (hitchhiking) de minicírculos para regiões codificadoras, produzindo ruptura de fase de leitura aberta e knockouts de genes no genoma humano e de outros mamíferos.



A demonstração do papel da autoimunidade na gênese da miocardiopatia chagásica parece ser essencial para a compreensão sobre a abrangência dos efeitos patogênicos da infecção pelo *T. cruzi* e das mutações de kDNA deixadas no genoma do chagásico e de seus descendentes. A análise da fixação das mutações de kDNA do *T. cruzi* nas progênes de chagásicos tem gerado perguntas específicas que só podem ser respondidas pelo estudo de famílias de chagásicos, em vários ecossistemas brasileiros. Nossa proposta de trabalho visou investigar a herança e a fixação das mutações de kDNA em famílias representativas da população em municípios do Recôncavo do Estado da Bahia, residentes na região do recôncavo a aproximadamente dezesseis gerações, em contato com triatomíneos e, portanto, exposta ao risco de aquisição das infecções.