

Estudos Estruturais por Dicroísmo Circular de Peptídeos Isolados de Aranhas da Espécie *Lycosa erythrognatha*.

Virgílio M. Dos Santos (IC), Luciana de M. Palhano (IC), Natália G. Pinheiro (IC), Victor H. O. Munhoz* (PQ), Jarbas M. Resende (PQ), Dorila Piló-Veloso (PQ)

Departamento de Química, UFMG, Av. Pres. Antônio Carlos, 6627, Pampulha, Belo Horizonte, Minas Gerais, CEP 21270-901

*victor.munhoz@gmail.com

Palavras Chave: Peptídeos Antimicrobianos, Dicroísmo Circular, *Lycosa Erythrognatha*

Introdução

Peptídeos com atividade antimicrobiana são potenciais agentes antibióticos. Relações diretas entre a conformação adotada por essas macromoléculas em meios de membrana levaram pesquisadores a propor mecanismos de ação em que o peptídeo devidamente estruturado interage diretamente com a membrana bacteriana, ocasionando, por fim, o rompimento da mesma e, por consequência, a morte do patógeno. Dessa forma, o estudo da conformação que o peptídeo assume ao interagir com meios miméticos de membranas é o tema de interesse deste trabalho, com o objetivo de elucidar de forma detalhada o mecanismo envolvido nessa atividade biológica¹.

LyeTx-2 e LyeTx-3 são dois peptídeos catiônicos, ambos compostos por 19 resíduos de aminoácidos e originalmente isolados da espécie de aranha *Lycosa erythrognatha*. Os dois peptídeos mostraram significativa atividade antimicrobiana contra bactérias Gram-positivas e negativas².

Nesse trabalho são relatados os experimentos de dicroísmo circular (CD) realizados para ambos os peptídeos, em diversos meios miméticos de membrana, como micelas de DPC e SDS, bem como lipossomas contendo POPC e com a composição mista POPC:POPG na proporção (3:1).

Resultados e Discussão

Ambos os peptídeos foram sintetizados pela técnica de síntese em fase sólida, por meio da utilização da estratégia Fmoc, em seguida purificados por CLAE e, por fim, caracterizados por espectrometria de massas.

Os experimentos de CD, realizados em um espectropolarímetro Jasco J-810, foram executados com amostras contendo diferentes proporções entre o peptídeo e a micela ou o lipossoma, sempre se mantendo a concentração do peptídeo para todas as amostras.

Estruturas do tipo α -hélice foram observadas apenas em meios contendo quantidades significativas de fosfolípidos, sendo que, na

ausência desses compostos, os peptídeos mostraram-se desenovelados. Interessantemente, não foram observadas estruturas significativas em ambos os peptídeos, especialmente quando se compara com os resultados obtidos para meio contendo lipossomas negativamente carregados, como POPC:POPG (3:1) (Figura 1), em que as desconvoluções das curvas mostraram conteúdos de hélice próximos a 50%.

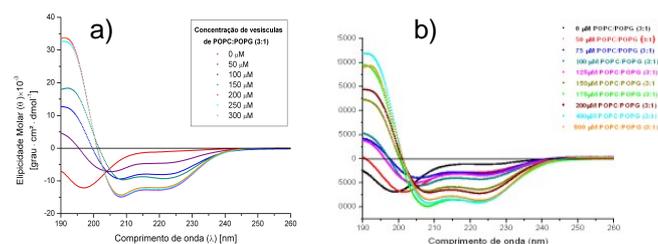


Figura 1. Espectros de CD dos peptídeos LyeTx-2 (a) e LyeTx-3 (b) em diferentes concentrações de lipossomas contendo POPC:POPG (3:1).

Conclusões

A estruturação observada nos peptídeos em meios que mimetizam membranas bacterianas está de acordo com os mecanismos propostos de ação de peptídeos antimicrobianos. Essa estruturação possivelmente ocorre devido à adoção, por parte dessas macromoléculas, de estruturas α -hélice anfipáticas, capazes de interagir, ao mesmo tempo com os meios hidrofóbicos e hidrofílicos.

A não estruturação em lipossomas zwitteriônicos como POPC indicam que fatores eletrostáticos são importantes para que esses peptídeos possam interagir eficientemente com membranas bacterianas.

Agradecimentos

CAPES, CNPq, FAPEMIG, UFMG

ZASLOFF, M.. Nature (London, U. K.), v. 415, n. 6870, p. 389-395, 2002. ISSN 0028-0836

² SANTOS, D. M. et al.. Amino Acids, v. 39, n. 1, p. 135-144, 2010. ISSN 0939-4451