



Evento	Salão UFRGS 2015: SIC - XXVII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2015
Local	Porto Alegre - RS
Título	Análise Transcritômica de <i>Cryptococcus gattii</i>
Autor	RODRIGO SILVA ARAUJO STREIT
Orientador	CHARLEY CHRISTIAN STAATS

Análise Transcritômica de *Cryptococcus gattii*

Rodrigo Silva Araujo Streit
Prof. Dr. Charley Christian Staats
Universidade Federal do Rio Grande do Sul

A levedura basidiomicética *Cryptococcus gattii* é comumente encontrada em regiões tropicais e subtropicais, sendo responsável por causar a criptococose, doença que pode acometer pele, pulmões e sistema nervoso central, e podendo ainda ocasionar a casos graves de meningite e meningoencefalite. A sequência genômica da linhagem R265 de *C. gattii*, assim como a sua anotação, é disponibilizada pelo BroadInstitute (*Cryptococcus gattii* Sequencing Project, Broad Institute of Harvard and MIT) desde 2009. Para obtenção dos modelos gênicos, foram empregadas diversas plataformas de anotação automática, como o Augustus, o FGNEISH e outros preditores *de novo*. Contudo, é crescente a constatação da falha destes programas em delimitar perfeitamente os modelos gênicos. Por exemplo, em dados já publicados de nosso grupo alguns genes não possuem uma estrutura de éxons e íntrons condizente com as proteínas ortólogas (Schneider Rde O, Fogaca Nde S, Kmetzsch L, Schrank A, Vainstein MH & Staats CC (2012) Zap1 regulates zinc homeostasis and modulates virulence in *Cryptococcus gattii*. PLoS ONE 7, e43773.). Com o advento dos sequenciadores de última geração, novas tecnologias de análise dos dados vêm se mostrando extremamente eficazes para a análise de modelos gênicos de diversos organismos, de forma que correções em anotações anteriores e complementações às informações prévias têm ocorrido. Assim, esse estudo tem por objetivo analisar o transcrito da linhagem R265 de *C. gattii* para efetuar correções na anotação atual do mesmo. Para tanto utilizamos 4 bibliotecas de sequenciamento de RNA realizados na plataforma IlluminaHiSeq, referentes ao cultivo de *C. gattii* em diferentes condições. Utilizando o software Tophat2, realizamos o alinhamento dos *reads* contra a sequência dos modelos gênicos disponibilizados pelo Broad Institute. Dos 160411087 *reads* presentes no agrupamento das 4 bibliotecas, foi possível obter o alinhamento de 114077252 *reads* alinhados (71%). Os *reads* alinhados foram então utilizados para a predição dos transcritos utilizando o software Cufflinks. Os modelos gênicos obtidos foram revisados manualmente no software IGV, utilizando o resultado do alinhamento inicial como parâmetro para a verificação de predições errôneas. Após a verificação manual, constatou-se que 1910 dos 6369 modelos gênicos utilizados para a análise foram preditos incorretamente. Empregando análise manual dos modelos gênicos incorretos, observamos que majoritariamente ocorrem problemas na delimitação do início e do término de íntrons. Atualmente, estes íntrons estão em fase de correção, observando a regra de delimitação GT-AG. Após a correção, um novo alinhamento e predição serão realizados para refinar a anotação. Para tanto, os modelos gênicos serão localizados no genoma utilizando o programa Exonerate. Por fim, para a confirmação das análises *in silico*, alguns transcritos serão selecionados aleatoriamente para confirmação de predição através de RT-PCR.