

## SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA XXVIII SIC



Evento	Salão UFRGS 2016: SIC - XXVIII SALÃO DE INICIAÇÃO
	CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2016
Local	Campus do Vale - UFRGS
Título	Prospecção de novos genes envolvidos no metabolismo de
	zinco em Cryptococcus gattii
Autor	CAMILA DIEHL DA ROSA
Orientador	CHARLEY CHRISTIAN STAATS

## Prospecção de novos genes envolvidos no metabolismo de zinco em *Cryptococcus gattii*Aluna: Camila Diehl Orientador: Charley C. Staats Universidade Federal do Rio Grande do Sul

Cryptococcus neoformans e Cryptococcus gattii são leveduras basidiomicéticas, agentes etiológicos da criptococose, uma doença fatal que acomete seres humanos e outros mamíferos e se manifesta como pneumonia e/ou meningite. Infecções causadas por Cryptococcus são responsáveis por aproximadamente 1 milhão de casos de meningoencefalite por ano, resultando em cerca de 625.000 mortes. Durante o processo infectivo, a homeostase de metais nos patógenos deve ser finamente regulada, pois o excesso ou escassez de alguns destes metais pode produzir um ambiente tóxico para a célula. Metais como ferro, manganês e zinco são frequentemente incorporados em proteínas, como enzimas, e em fatores de transcrição, estando envolvidos em muitos processos biológicos importantes nas células. Trabalhos recentes, desenvolvidos pelo nosso grupo de pesquisa, evidenciam a importância do adequado metabolismo do metal zinco na virulência de C. gattii. O metabolismo do zinco é um alvo potencial para o desenvolvimento de drogas antifúngicas, porque alguns agentes patogênicos fúngicos, como C. gattii, demonstram uma maior sensibilidade para a privação de zinco que de ferro. Assim, um melhor entendimento do metabolismo de zinco em fungos patogênicos pode auxiliar no desenvolvimento de novas estratégias terapêuticas. Nesse contexto, o objetivo do presente trabalho foi identificar novos genes envolvidos no metabolismo de zinco em C. gattii. Para tanto, um screening realizado em uma biblioteca de mutantes insercionais aleatórios de C. gattii (linhagem R265), contendo cerca de 8.000 mutantes foi realizado e levou à identificação de um mutante (25-C12) com drástica redução de desenvolvimento em condições de privação de metais, obtidas com uso dos quelantes DTPA ou TPEN. Empregando técnicas de chromosome walking, identificamos o gene que se encontra interrompido nesse mutante selecionado - CNBG\_1485, sendo então nomeado ZRG1 pelo nosso grupo. A análise in silico deste gene revelou que o mesmo codifica uma proteína com restrição filogenética a Basidiomicetos, sem domínios conservados e com possível localização nuclear e/ou citoplasmática. Para estudar especificamente a função desse gene, decidimos realizar a construção de mutantes nulos para o gene ZRG1. Para isso, fragmentos de aproximadamente 1 kb das regiões 3' e 5' de flanqueamento do gene foram amplificadas por PCR a partir do DNA genômico de C. gattii e purificadas em gel. Os fragmentos foram usados em uma reação de recombinação com o plasmídeo pDONR-NAT. Os vetores obtidos foram clivados e utilizados para transformação de células de C. gattii através de bombardeamento. Após a seleção pela marca de resistência, o screening inicial dos mutantes nulos foi realizado por PCR de colônia. Para confirmar a deleção, foi realizada PCR a partir de DNA genômico e RT-PCR a partir do RNA extraído de células submetidas a condições de disponibilidade ou privação de metais, utilizando quelantes como DTPA e TPEN. Após todas essas etapas de confirmação, obtivemos dois mutantes que apresentaram deleção do gene ZRG1. Utilizando esses mutantes, estamos iniciando os ensaios de caracterização fenotípica, que possam identificar alterações associadas à inativação do gene ZRG1, assim como alterações na virulência da linhagem. Estas linhagens serão caracterizadas através da realização de ensaios como capacidade crescimento a 37 °C, formação de cápsula e melanina, sensibilidade à interação com macrófagos, taxa de fagocitose e replicação intrafagossômica, avaliação de níveis intracelulares de zinco e ROS.