



Conectando vidas Construindo conhecimento



XXXIII SIC SALÃO INICIAÇÃO CIENTÍFICA

Evento	Salão UFRGS 2021: SIC - XXXIII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2021
Local	Virtual
Título	Análises de proteínas hipotéticas de <i>Cryptococcus neoformans</i> potencialmente importantes para interação com o hospedeiro
Autor	JULIANA GABRIELA PASSINATO COELHO
Orientador	LIVIA KMETZSCH ROSA E SILVA

“Análises de proteínas hipotéticas de *Cryptococcus neoformans* potencialmente importantes para interação com o hospedeiro”

Autor: Juliana Gabriela Passinato Coelho

Orientador: Prof. Dra. Lívia Kmetzsch

Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS).

Cryptococcus neoformans é o agente etiológico da criptococose, infecção fúngica responsável por mais de 180.000 óbitos anuais a nível mundial. A infecção ocorre através da inalação de esporos ou células dessecadas que, ao alcançarem o tecido pulmonar, podem colonizar o hospedeiro. Para o sucesso da infecção, um sistema complexo de respostas transcricionais é ativado, permitindo a adaptação ao ambiente inóspito do hospedeiro. Esse projeto visa explorar essa resposta transcricional para compreender a função de genes que se relacionam com a adaptação ao hospedeiro. Considerando o exposto, o objetivo desse trabalho foi a caracterização de proteínas hipotéticas de *C. neoformans* diferencialmente expressas em condição de infecção em hospedeiro humano pela aplicação de ferramentas de bioinformática. Os dados foram obtidos da literatura, a partir da análise de expressão diferencial global de transcritos de células fúngicas recuperadas do sítio de infecção (amostras clínicas de líquido cefalorraquidiano). Os genes que apresentavam diferença de expressão anotados como codificadores de proteínas hipotéticas, foram selecionados (55 genes). De forma a caracterizar essas proteínas, foram utilizadas plataformas online como o banco de dados Fungidb e as ferramentas disponíveis no Interproscan. A primeira conta com informações acerca de genomas de espécies fúngicas, sendo integrado a diversas ferramentas de análise. Nele foram realizadas identificação de domínios transmembrana e peptídeo sinal, busca por ortólogos de outras espécies fúngicas, predição da função biológica, e recuperadas as sequências gênicas e de aminoácidos dessas proteínas. Com a essa última informação, utilizou-se o Interproscan, que fornece informações quanto à presença de domínios conservados. A partir destes dados, foram compiladas informações que podem contribuir para a determinação de função gênica predita e importância destas proteínas no contexto de interação com o hospedeiro.

