



## XXXV SALÃO de INICIAÇÃO CIENTÍFICA

6 a 10 de novembro

<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2023: SIC - XXXV SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2023
<b>Local</b>	Campus Centro - UFRGS
<b>Título</b>	Análise da compartimentalização de zinco e atividade antifúngica mediada por transportadores SLC30 em <i>Acanthamoeba castellanii</i>
<b>Autor</b>	FRANCISCO NUNES MIELKE
<b>Orientador</b>	CHARLEY CHRISTIAN STAATS

**Justificativa:** Amebas de vida livre (FLA) desempenham funções importantes no controle populacional de comunidades microbianas, devido ao seu comportamento predatório. A FLA *Acanthamoeba spp.* é um carreador de micro-organismos patógenos, promovendo uma pressão seletiva responsável pela indução e manutenção de fatores de virulência e aumento da patogenicidade microbiana. Conforme previamente descrito em trabalhos do nosso grupo, ocorre a diminuição da concentração de zinco em amebas infectadas por *Cryptococcus gattii*, importante patógeno fúngico, possivelmente pelo aumento da expressão de exportadores de zinco pertencentes à família ZnT (SLC30A). **Objetivos:** Inferir a participação de transportadores de zinco da família SLC30A na resposta antimicrobiana de amebas por intermédio da modulação da homeostase de zinco. **Metodologia:** Dados de expressão gênica referentes a distintos experimentos envolvendo *A. castellanii* foram obtidos da SRA, junto ao NCBI. Os dados em questão foram recuperados, representando um conjunto de dados de RNAseq coletados a partir de células envolvendo o organismo previamente citado. O alinhamento posterior dos genes foi realizado através da ferramenta STAR. A análise dos dados, para geração de grupos de genes co-expressos (clusters) foi realizada no *software* R, com o uso do pacote WGCNA. O enriquecimento gênico do cluster contendo genes transportadores de zinco foi feito utilizando a ferramenta AmoebaDB. **Resultados:** Foram identificadas leituras referentes a 14696 genes na recuperação de dados de RNASeq. Com a análise do WGCNA, foi possível o agrupamento em 14 clusters. No cluster turquesa, foram identificados genes moduladores da homeostase de zinco – possíveis mecanismos antifúngicos –, juntamente com o gene transportador de zinco ACA1\_260050. O enriquecimento funcional deste mesmo cluster demonstrou que os demais genes presentes apresentam atuação importante no metabolismo celular. O trabalho demonstrou que transportadores de zinco potencialmente estão envolvidos com o desenvolvimento normal de células de ameba em diferentes estágios de vida e possivelmente atuam na resposta antifúngica das mesmas.