

*Cryptococcus gattii* é uma levedura basidiomicética, com cápsula polissacarídica, produção de melanina e capacidade de crescimento a 37°C, que são fatores de patogenicidade desse microrganismo. É considerado um patógeno primário e um dos agentes etiológicos da criptococose humana. A utilização de técnicas proteômicas para identificação de proteínas envolvidas na interação patógeno-hospedeiro é de suma importância e até o momento, poucos trabalhos envolvendo *Cryptococcus* spp. e proteômica foram reportados. Neste estudo estão sendo analisadas duas linhagens de *C. gattii*, um isolado clínico do Brasil (AL33) e outra proveniente de uma epidemia em Vancouver - Canadá (R265), com o objetivo de identificar proteínas diferencialmente expressas em crescimento a 25°C e 37°C. Após cultivo em caldo Sabouraud a 25 e 37°C, as células foram processadas e submetidas à extração de proteínas totais com tampão de extração (50mM Tris-HCl pH 7,5; 1mM EDTA; 50µM TPCK; 1mM PMSF; 5mM Iodoacetamida). As proteínas foram quantificadas pelo método de Bradford e visualizadas por eletroforese em SDS PAGE. No gel bidimensional serão utilizados 1 a 2mg de proteínas em uma faixa de pH de 4-7. Os géis serão corados e analisados com o software PDQuest Basic 8.0 (Bio-Rad). As proteínas diferencialmente expressas serão excisadas dos géis, tratadas de acordo com metodologias estabelecidas e tripsinizadas. Os peptídeos tripticos serão purificados e dessalinizados em ZipTip (Millipore) e analisados por espectrometria de massas utilizando os programas ProteinLynx e Mascot. Os dados de PMF (*Peptide mass fingerprinting*) obtidos serão analisados comparativamente com o banco de dados do *Broad Institute*. Observações preliminares sugerem que podem existir diferenças entre as linhagens nas proteínas expressas a 37°C, porém, até o momento os resultados não são conclusivos.