



<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2018: SIC - XXX SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2018
<b>Local</b>	Campus do Vale - UFRGS
<b>Título</b>	Avaliação dos padrões de metilação no DNA do fungo entomopatogênico <i>Metarhizium anisopliae</i> em condições de infecção mimetizada
<b>Autor</b>	AUGUSTO BARTZ PENTERICHE
<b>Orientador</b>	AUGUSTO SCHRANK

**Avaliação dos padrões de metilação no DNA do fungo entomopatogênico *Metarhizium anisopliae* em condições de infecção mimetizada** - Augusto B. Penteriche; Orientador Augusto Schrank – Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS)

*Metarhizium anisopliae* é um fungo entomopatogênico com grande espectro de hospedeiros artrópodes. Diversos hospedeiros suscetíveis à infecção possuem importância social e econômica, como pragas de lavoura e vetores de doenças animais e humanas. A infecção por *M. anisopliae* tem início com a adesão de esporos à cutícula do hospedeiro, seguindo pela germinação dos esporos em tubos germinativos, e a diferenciação destes em uma estrutura especializada denominada apressório, essencial para a penetração da cutícula do hospedeiro artrópode por meio da secreção de diversas enzimas que atuam sinergicamente. Durante todo o ciclo de penetração e infecção de *M. anisopliae*, diversas mudanças no padrão de expressão gênica do fungo ocorrem. Está plenamente documentado que a metilação de citosinas no DNA é um importante mecanismo de regulação da expressão gênica em diversos organismos eucarióticos. A adição do grupamento metil a citosinas em regiões promotoras pode silenciar a transcrição do gene correspondente por bloqueio espacial da ligação de fatores de transcrição. Além disso, moléculas de DNA metiladas podem induzir o recrutamento de proteínas de remodelação da cromatina, compactando o *locus* e silenciando o(s) gene(s) correspondente(s). No entanto, o impacto e a importância da metilação gênica em fungos filamentosos ainda são pouco explorados. Assim, o presente trabalho visa explorar os padrões de metilação gênica de *M. anisopliae*. Para tanto, duas condições foram escolhidas: *M. anisopliae* cultivado em meio rico (MCc, condição controle) líquido por 48 horas (h) e em meio sólido, por 48 h, contendo cutículas do carrapato-de-boi (*Rhipicephalus microplus*) como única fonte de carbono (condição que mimetiza a infecção). Resultados prévios indicaram que 96 genes apresentam um padrão de metilação diferencial nas condições de infecção mimetizada quando comparado ao meio rico, estando mais metilados na condição testada. Desses, foram escolhidos 5 genes com provável importância para o processo de infecção de *M. anisopliae* para serem analisados e os resultados confirmados por métodos complementares. Estes genes compreendem dois *backbone genes* envolvidos na biossíntese de metabólitos secundários (destruxina, xenozoyenona-like), uma quitina sintase, uma endoglucanase e uma proteína colágeno-like. Além disso, buscou-se avaliar o padrão de expressão de duas metil-transferases encontradas no genoma de *M. anisopliae*. Para tal, o fungo foi cultivado em quatro condições diferentes: meio rico (MCc), cutículas de carrapato em meio sólido, cutículas de carrapato em meio líquido e cutículas de carrapato em meio líquido contendo o inibidor de metilação 5-azacitina, por 24 h, 48 h e 72 h. Destas amostras foram extraídos RNA (para qPCR) e DNA (para BS-PCR). A metilação de genes que codificam fatores de virulência nas condições de infecção mimetizada é surpreendente, visto que estes resultados podem indicar a utilização deste mecanismo de controle da expressão gênica como uma forma de silenciar fatores de virulência dispendiosos quando sua expressão não é mais requerida. Os resultados provenientes dos experimentos de qPCR e BS-PCR estão em andamento.