



**Universidade:
presente!**

UFRGS
PROPEAQ



XXXI SIC

21. 25. OUTUBRO • CAMPUS DO VALE

Evento	Salão UFRGS 2019: SIC - XXXI SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2019
Local	Campus do Vale - UFRGS
Título	DIVERSIDADE GENÉTICA E FENOTÍPICA DE ISOLADOS CLÍNICOS DE <i>Cryptococcus gattii</i> DO RIO GRANDE DO SUL
Autor	BERNARDO NASSAU DE SOUZA
Orientador	MARILENE HENNING VAINSTEIN

DIVERSIDADE GENÉTICA E FENOTÍPICA DE ISOLADOS CLÍNICOS DE
Cryptococcus gattii DO RIO GRANDE DO SUL

Bernardo Nassau de Souza^{1,2} e Marilene Henning Vainstein²

¹Instituto de Biociências; ²Departamento de Biologia Molecular e Biotecnologia, Centro de Biotecnologia, UFRGS

As leveduras *Cryptococcus neoformans* e *Cryptococcus gattii* são os agentes etiológicos da criptococose, doença que afeta aproximadamente 220 mil pessoas e leva a óbito cerca de 180 mil por ano. *C. gattii* é o principal agente causador da criptococose em indivíduos imunocompetentes. A espécie ganhou notoriedade após a epidemia de Vancouver no final dos anos 90, uma das epidemias mais expressivas que foi causada por isolados de *C. gattii* do tipo molecular VGII. Um desses isolados é a linhagem R265 considerada hipervirulenta. O objetivo do presente trabalho é relacionar o genótipo de *C. gattii* com determinantes de virulência. Foram selecionados para análise genética e fenotípica sete isolados clínicos, denominados: 18, 42, 43, 142, 167, 170 e 180 de pacientes do Rio Grande do Sul. Para a análise genética, foi determinado o ST (*sequence type*) de cada isolado através do método de MLST (*Multilocus Sequence Typing*). Os determinantes de virulência empregados para caracterização das linhagens foram: formação de biofilme, melanização, diâmetro da célula, espessura da cápsula polissacarídica e atividade de urease. A análise da virulência foi realizada utilizando o modelo invertebrado *Galleria mellonella*. Os resultados indicaram que dois dos isolados clínicos, 18 e 180, apresentaram ST20, assim como a linhagem R265. Já as linhagens 42 e 43 foram determinadas como ST182, enquanto as demais apresentaram ST309. Os isolados 42 e 43 demonstraram diferenças claras quando comparadas com R265: produção de biofilme reduzida, diâmetro da célula e espessura da cápsula menores e aumento da atividade de urease. Na curva de sobrevivência, os isolados 42 e 43 demonstraram ser mais virulentos que R265. As linhagens 18 e 180 apresentaram resultados semelhantes à linhagem R265 em todas as análises. Já é descrito que a virulência de *Cryptococcus* spp. é multifatorial, ou seja, não é dependente de apenas um determinante. Isso é evidenciado quando analisamos as linhagens 42 e 43. Ambas apresentaram valores reduzidos de diâmetro de célula, espessura da cápsula e ainda assim evidenciaram virulência maior que a linhagem R265. Visto que os isolados 18, 180 e R265 possuem o mesmo ST e demonstraram resultados semelhantes, sugere-se que linhagens pertencentes a um mesmo ST apresentam características semelhantes. A análise da relação de genótipo com virulência de *Cryptococcus* spp. é de grande importância epidemiológica. Esta análise se torna ainda mais importante quando consideramos que o Brasil possui grande diversidade de *C. gattii* VGII. Este trabalho propõe que a diversidade genética entre STs está relacionada com a virulência das linhagens.