



XXXIII SIC SALÃO INICIAÇÃO CIENTÍFICA

Evento	Salão UFRGS 2021: SIC - XXXIII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2021
Local	Virtual
Título	Mecanismos moleculares envolvidos na expressão gênica de fatores de virulência de <i>Mycoplasma hyopneumoniae</i>
Autor	ANDRÉ HUBNER
Orientador	HENRIQUE BUNSELMEYER FERREIRA

Resumo

Mecanismos moleculares envolvidos na expressão gênica de fatores de virulência de *Mycoplasma hyopneumoniae*

André Gustavo Dessoy Hubner, Jéssica Andrade Paes, Henrique Bunselmeyer Ferreira

Laboratório de Genômica Estrutural e Funcional

Centro de Biotecnologia

Universidade Federal do Rio Grande do Sul

Mycoplasma hyopneumoniae é o principal agente da pneumonia enzoótica suína, enquanto que *Mycoplasma flocculare* é uma espécie comensal. Apesar dessa diferença de modo de vida, as duas espécies possuem um conteúdo genético similar. No entanto, estudos transcritômicos e proteômicos comparativos entre as duas espécies encontraram diferenças relacionadas a expressão de potenciais fatores de virulência de *M. hyopneumoniae* e seus ortólogos correspondentes em *M. flocculare*, indicando que há mecanismos diferenciais de regulação da expressão dos genes que os codificam. Neste contexto, o objetivo deste trabalho é elucidação de mecanismos determinantes de patogenicidade de *M. hyopneumoniae* e a caracterização das vias de regulação de expressão gênica de *M. hyopneumoniae* e *M. flocculare*. Primeiramente foi feita uma análise *in silico* de topologia e localização subcelular de 25 proteínas selecionadas de acordo com funções consideradas importantes para a patogenicidade e abundância diferencial em *M. hyopneumoniae*, a qual identificou 52%, 20%, 16% e 12% de proteínas preditas como citoplasmáticas, de membrana, extracelulares ou de localização indefinida, respectivamente. Além disso, um conjunto de 60 genes relacionados a virulência de *M. hyopneumoniae* foram analisados a fim de buscar sequências-alvo para a projeção de RNAs-guia (gRNA), os quais serão utilizados em ensaios de interferência por CRISPR-dCas9. Para cada gene analisado foram selecionadas 10 sequências de gRNA, as quais foram analisadas para uma possível presença de *off-targets*. Por fim, a análise de possíveis sequências promotoras de genes de *M. flocculare* foi realizada para estudos comparativos com *M. hyopneumoniae*. Nesta análise, foi possível identificar um motivo com alta conservação em regiões não-codificadoras do genoma de *M. flocculare* a partir do qual serão refinadas as análises *in silico*. Assim, espera-se futuramente a identificação de genes e proteínas de *M. flocculare* ortólogas a fatores de virulência de *M. hyopneumoniae* e análises de dados da expressão gênica de ambos.

Apoio: CNPq e CAPES