



**XXXIII SIC** SALÃO INICIAÇÃO CIENTÍFICA

<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2021: SIC - XXXIII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2021
<b>Local</b>	Virtual
<b>Título</b>	INVESTIGAÇÃO DE MECANISMOS DE RESISTÊNCIA A MERCÚRIO EM CÉLULAS DE ESCHERICHIA COLI
<b>Autor</b>	GUSTAVO BOMBARDELLI BARP
<b>Orientador</b>	EMILENE MENDES BECKER

## INVESTIGAÇÃO DE MECANISMOS DE RESISTÊNCIA A MERCÚRIO EM CÉLULAS DE ESCHERICHIA COLI

O mercúrio (Hg) é um elemento de natureza não-essencial, tóxica e naturalmente ubíquo. Em ambientes aquáticos, bactérias redutoras de enxofre podem transformá-lo em metilmercúrio (MeHg), sendo esta espécie a que apresenta maior potencial tóxico devido a sua capacidade bioacumulativa e biomagnificante. Uma das maiores fontes de contaminação humana por mercúrio ocorre a partir do consumo de peixes e mariscos contaminados. As espécies de mercúrio são capazes de ligar-se diretamente a porções de proteínas inativando-as, ou provocando danos indiretos às estruturas celulares por estresse oxidativo. Entretanto, mecanismos de resistência a mercúrio permitem a diversos microrganismos viverem em ambientes contaminados, como algumas linhagens de *Escherichia coli*. Existem mecanismos específicos de resistência a mercúrio, como é o caso da presença do operon *mer*, ou não-específicos, como a presença de metalotioneínas. O objetivo do trabalho é avaliar a resistência ao mercúrio na bactéria *Escherichia coli* ATCC11775 e identificar possíveis mecanismos de resistência, específicos ou não-específicos. A metodologia é baseada no cultivo de quantidade padronizada da bactéria em meio LB, utilizando concentrações de 5  $\mu$ M a 40  $\mu$ M de Hg(II) e controles positivos, sem Hg. A padronização e o crescimento são avaliados com ensaios de densidade ótica (OD) e contagem de unidades formadoras de colônia (CFU). Para identificar os possíveis mecanismos, foram realizadas análises pelo *software* BLAST (NCBI), a partir do sequenciamento completo do genoma da *E. coli* ATCC11775 disponível e depositado na mesma plataforma. Foram usados como alvos os genes do operon *mer* e o gene *smtA*, representante das metalotioneínas. Os resultados obtidos por bioinformática revelaram a presença do gene *smtA* de metalotioneínas e não revelaram a presença de genes do operon *mer*. A confirmação da presença desse mecanismo será feita por PCR (Reação em Cadeia da Polimerase) e eletroforese em gel após o retorno das atividades presenciais.