



**REENCONTROS
NOVOS ESPAÇOS
OPORTUNIDADES**

XXXIV SIC Salão Iniciação Científica

26 - 30
SETEMBRO
CAMPUS CENTRO

Evento	Salão UFRGS 2022: SIC - XXXIV SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2022
Local	Campus Centro - UFRGS
Título	Desenvolvimento de ferramentas moleculares para manipulação gênica de <i>Mycoplasma hyopneumoniae</i>
Autor	MARIA EDUARDA MENEGAZZO BONATTO
Orientador	ARNALDO ZAHA

Mycoplasma hyopneumoniae é o agente etiológico da pneumonia enzoótica suína (PES), uma doença que causa grandes perdas econômicas para a suinocultura brasileira e mundial. Neste contexto, estudos funcionais para caracterização de fatores de virulência de *M. hyopneumoniae* são necessários para o desenvolvimento de novas estratégias de controle e prevenção da PES. Entretanto, a baixa disponibilidade de ferramentas moleculares para manipulação gênica de micoplasmas tem dificultado a realização destes estudos funcionais. Sendo assim, o objetivo da presente pesquisa é desenvolver ferramentas moleculares compatíveis com *M. hyopneumoniae* para identificação e caracterização de fatores de virulência. Para isso, foram construídos plasmídeos contendo o sistema de mini-transposon do tipo *mariner* (Himar1), o que potencialmente permite a inserção de genes de interesse e/ou mutações no genoma de *M. hyopneumoniae*. Inicialmente, o gene codificador da enzima cloranfenicol-acetil-transferase (*cat*) foi utilizado como marcador por conferir resistência a cloranfenicol. O vetor plasmidial resultante (pUC57_Himar1_CmR) foi utilizado para padronizar as condições de transformação de *M. hyopneumoniae*. Após 7 dias, colônias de *M. hyopneumoniae* transformantes foram recuperadas e a inserção do gene *cat* no genoma foi confirmada por PCR. Dessa forma, é possível afirmar que o sistema de mini-transposon Himar1 é compatível com a *M. hyopneumoniae*. As próximas etapas do estudo poderão utilizar esse sistema como base para outras construções para estudos funcionais envolvendo a geração de mutantes, ensaios de interferência por CRISPR, genes-repórter etc. Espera-se com isso caracterizar funcionalmente fatores de virulência de *M. hyopneumoniae*, identificando novos alvos para o controle da PES.