

# USO DE FERRAMENTAS DE BIOINFORMÁTICA PARA A ANÁLISE MOLECULAR DA VIRULÊNCIA DE *LISTERIA MONOCYTOGENES*

Autora: Kellen Priscila Gusmão Gedoz

Orientador: Prof. Dr. Jeverson Frazzon

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL

Palavras chave:

*Listeria monocytogenes*; Microbiologia; Bioinformática.

## Introdução

*Listeria monocytogenes* é uma bactéria gram-positiva, ubíqua, no entanto, os surtos de listeriose, frequentemente, são causados por alimentos contaminados, tais como carnes, laticínios e seus derivados. Por se desenvolver em temperaturas baixas, de refrigeração, por exemplo, o aparecimento do microrganismo *Listeria sp.*, na linha de produção é motivo de preocupação na indústria de alimentos. Das 8 espécies, *L. monocytogenes* é a única com potencialidade de levar os indivíduos infectados, principalmente, crianças, mulheres grávidas e idosos ao óbito.

## Resultado Parcial e Análise

Usando as ferramentas – BLASTn e BLASTp do NCBI foram identificados os genes em estudo (Tabela 1). Posteriormente, oligonucleotídeos iniciadores foram desenhados no Genscript com o intuito de realizar a Transcrição Reversa quantitativa da Reação em Cadeia da Polimerase (RT-qPCR).

## Conclusão e Perspectiva

Os dados gerados com o RT-qPCR serão analisados paralelamente aos resultados obtidos com o transcriptoma, o que nos permitirá inferir dados de virulência da bactéria frente as variações enzimáticas promovidas no microrganismo.

## Objetivo

Estudar os genes de virulência, formadores de biofilme e reguladores transcricionais que auxiliam o microrganismo a exercer suas funções intracelulares.



## Método

Para confirmar os dados do transcriptoma do microrganismo, foi necessário pesquisar os genes envolvidos na regulação celular da bactéria. Ferramentas moleculares encontradas no National Center for Biotechnology Information (NCBI) se mostraram extremamente úteis para a realização do trabalho (Figura 1). Os dados gerados foram cruzados com resultados extraídos de artigos científicos publicados no assunto.

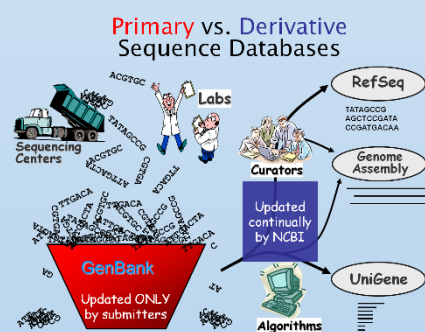


Figura 1 – ferramentas da bioinformática

Tabela 1 – proteínas e funções

Gene	Função da proteína	Gene	Função da proteína	Gene	Função da proteína
crp	regulador transcricional	actA	Responsável pela formação da cauda de actina, necessária para a mobilidade intracelular	luxS	Influencia negativamente na formação de biofilme
sigB	Fator que regula a transcrição de genes de resposta ao estresse ambiental	hly	Proteína essencial para a virulência de <i>L. monocytogenes</i> , importante no processo de invasão da célula hospedeira	flaA	Responsável pela síntese do flagelo e motilidade do microrganismo
ltrC	Responsável pela multiplicação de <i>L. monocytogenes</i> em temperaturas de refrigeração	degU	Envolvida na síntese do flagelo, motilidade, virulência e formação de biofilme	sufU	Proteína "andaime", que auxilia na construção dos centros de Ferro-Enxofre ([Fe – S] cluster)
ctc	Envolvida na tolerância osmótica de <i>L. monocytogenes</i>	inlA	Internalina, que proporciona a entrada de <i>L. monocytogenes</i> na célula hospedeira	sufS	Cisteína desulfurase, que fornece enxofre para a biogênese dos Fe/S
agrA	Aderência e formação de biofilme	iscR	Regulador de centros Ferro-Enxofre	sod	Superóxido dismutase de manganês
prfA	Fator que regula a transcrição de genes envolvidos na virulência	fri	Ligação da ferritina- proteína antioxidante	fur	Proteína reguladora de captação férrica