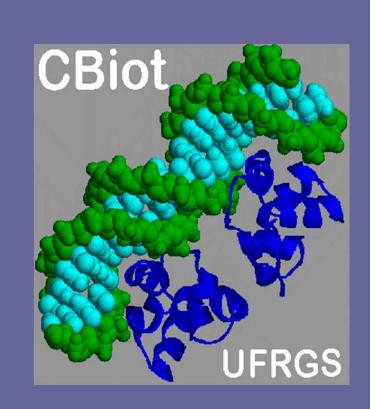


# Estudo da localização subcelular da proteína GRASP em *Cryptococcus neoformans*

Luana Kammler<sup>1,2</sup>, Lívia Kmetzsch<sup>2</sup>, Charley Christian Staats<sup>2</sup>, Carolina Pereira Silveira<sup>2</sup>, Augusto Schrank<sup>2</sup>, Marilene Vainstein<sup>2</sup>

Aluna de Graduação em Farmácia, Bolsista de Iniciação Científica CNPq; <sup>2</sup> Centro de Biotecnologia, UFRGS



## INTRODUÇÃO

Cryptococcus neoformans é uma levedura patogênica que acomete principalmente indivíduos imunocomprometidos. O principal fator de virulência deste patógeno é a produção de uma cápsula polissacarídica que possui propriedades imunomodulatórias. O principal componente da cápsula é a glucuronoxilomanana (GXM), a qual é secretada para o meio extracelular através de vesículas e reincorporada a superfície da célula. Vias de secreção não convencional de GXM dependem da ação da proteína GRASP (golgi reassembly and stacking protein) em C. neoformans. Trabalhos recentes do nosso grupo demonstram que mutantes nulos de C. neoformans para o gene que codifica GRASP apresentam virulência atenuada e cápsula reduzida (Kmetzsch et al., Mol. Micro 81:206-218, 2011).

#### **OBJETIVOS**

- Clonagem e expressão heteróloga de GRASP em E. coli.
- Purificação de GRASP recombinante.
- Produção de anticorpos anti-GRASP em camundongos.
- Avaliação da localização subcelular de GRASP em *C. neoformans.*

## MATERIAIS E MÉTODOS

A extração de RNA total de *C. neoformans* (H99) e síntese de cDNA foram realizados com Trizol (Invitrogen) e transcriptase reversa MML-V (Invitrogen), respectivamente. cDNA obtido após transcrição reversa foi utilizado como molde para amplificação de GRASP utilizando oligonucleotídeos específicos. Posteriormente, este produto de amplificação foi clonado em vetor pCR2.1-TOPO e transformado em *E. coli*. Procedeu-se a extração de DNA plasmidial de *E. coli* e clivagem do plasmídeo para confirmação da inserção. Após realizou-se a subclonagem do fragmento em vetor de expressão procariótico pET23d e transformação da ligação pET23d::GRASP em células de *E. coli* BL21(DE3)*pLys*S. A indução da expressão de GRASP recombinante foi realizada pela adição de IPTG (1mM) ao cultivo de *E. coli*. O resultado analisado por SDS-PAGE 12%. Realizou-se a purificação da proteína GRASP fusionada a uma cauda de histidinas por cromatografia de afinidade Qiagen) níquel (resina Ni-NTA agarose – recomendações do fabricante.

### **RESULTADOS**

Utilizou-se cDNA total como molde para amplificação da região codificante do gene GRASP de C. neoformans (Figura 1). Após purificação deste produto, procedemos a clonagem em vetor pCR2.1-TOPO e subclonagem em vetor de expressão pET23d. Após transformação do vetor pET23d::GRASP em células de E. coli BL21(DE3)pLysS, ensaios de indução da expressão da proteína recombinante foram realizados. A Figura 2 evidencia o padrão de proteínas expressas em *E. coli* após 1, 2 e 3 horas de indução da expressão pela adição de 1mM de IPTG. Após lise bacteriana por fervura, foram avaliadas as frações solúvel e insolúvel, obtidas após centrifugação do lisado. O período de indução selecionado para a purificação da proteína GRASP recombinante foi de 3 horas após adição de IPTG. O pellet de células provenientes de 50ml de cultivo de *E. coli* em tais condições de indução foi previamente tratado com lisozima e submetido a 15 pulsos de sonicação (10-100W) por 30 segundos. A fração solúvel de proteínas foi utilizada no procedimento de purificação.

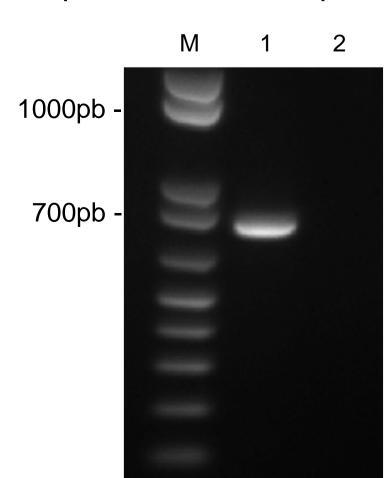


Figura 1. Amplicação da região codificante do gene GRASP de *C. neoformans* utilizando cDNA como molde. M, marcador de tamanho molecular indicado em pares de base. 1, amplificação do transcrito que codifica GRASP de *C. neoformans. 2,* controle negativo da reação de PCR.

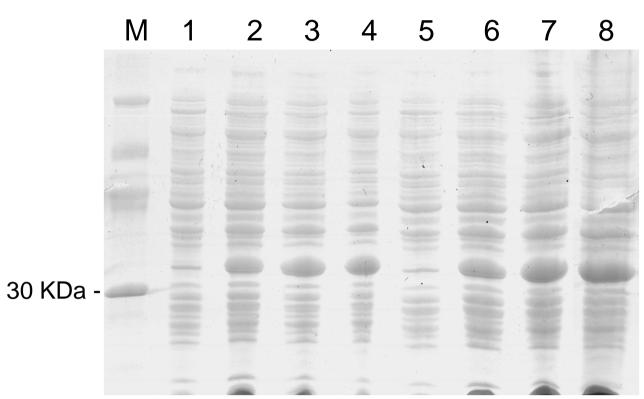
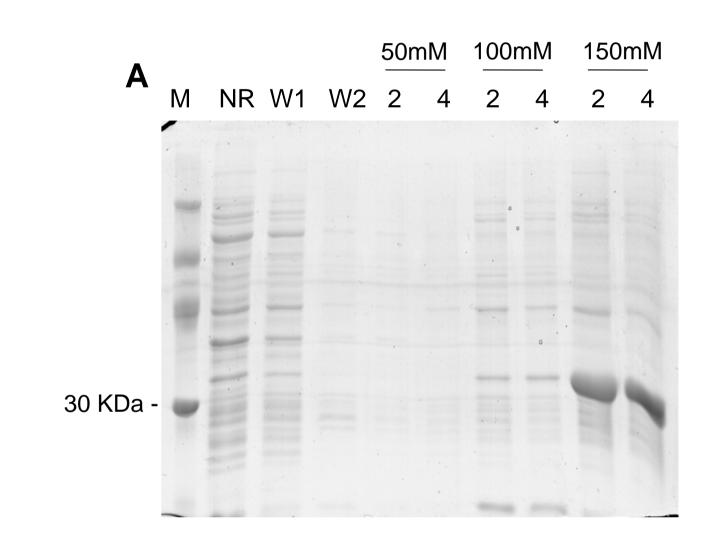


Figura 2. Ensaios de indução da expressão de GRASP recombinante. M, marcador de massa molecular indicado em KDa. 1, fração solúvel sem indução; 2, fração solúvel após 1 h de indução; 3, fração solúvel após 2 h de indução; 4, fração solúvel após 3 h de indução; 5, fração insolúvel sem indução; 6, fração insolúvel após 1 h de indução; 7, fração insolúvel após 2 h de indução; 8, fração insolúvel após 3 h de indução.



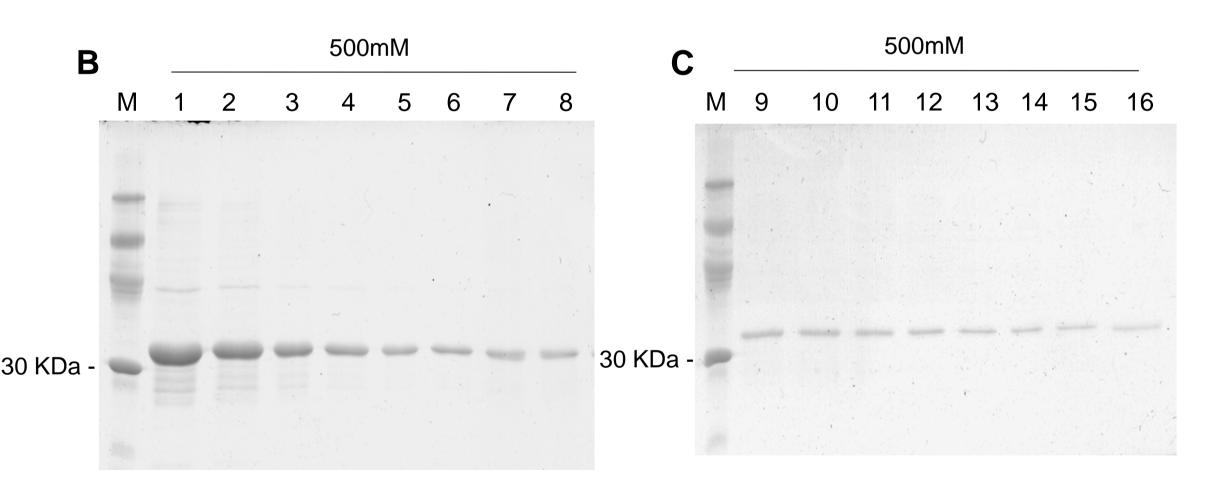


Figura 3. Purificação de GRASP recombinante em cromatografia de afinidade ao níquel. A. Análise em gel SDS-PAGE de frações iniciais obtidas durante a purificação. NR, fração não retida na coluna. W1 e W2, frações obtidas após primeira e segunda lavagem da coluna. 2 e 4, segunda e quarta frações após lavagens com tampão contendo 50mM, 100mM e 150mM de imidazol. B e C. Análise em gel SDS-PAGE de frações (1 a 16) obtidas após lavagem da coluna com tampão contendo 500mM de imidazol. M, marcador de massa molecular indicado em KDa.

A massa predita de GRASP recombinante é de 31 KDa, corroborando os resultados obtidos nos ensaios de indução e purificação, obtendo assim a proteína com alto grau de pureza.

#### **PERSPECTIVAS**

- Imunização de camundongos para produção de anticorpos.
- Avaliação da localização subcelular de GRASP em C. neoformans.

**Apoio Financeiro: CNPq e CAPES**