

044

CARACTERIZAÇÃO DE GENES ENVOLVIDOS NO METABOLISMO DE MIO-INOSITOL EM MYCOPLASMA HYOPNEUMONIAE. Cecilia Coimbra Klein, Bianca Gervini Fávero Bittencourt, Marilene Henning Vainstein, Arnaldo Zaha (orient.) (UFRGS).

As espécies do gênero *Mycoplasma* apresentam redução no tamanho do genoma resultando em perda de rotas metabólicas redundantes, preservando um conjunto mínimo de capacidades metabólicas essenciais, impondo dependência ao hospedeiro natural para adquirir nutrientes. *Mycoplasma hyopneumoniae* é o agente causador da pneumonia enzoótica suína, um dos problemas na suinocultura. Conforme análises genômicas, *M. hyopneumoniae* pode realizar o metabolismo glicolítico e sintetizar ATP por fermentação láctica. O genoma de *M. hyopneumoniae* é o único dentre os Mollicutes descrito com genes envolvidos com o metabolismo de mio-inositol, observando-se que rotas biossintéticas alternativas foram mantidas em diferentes espécies. Outra espécie de *Mycoplasma* é capaz de produzir ácido a partir de inositol, no entanto, o genoma não está disponível, impossibilitando a comparação dos genes envolvidos nesta via. O objetivo deste trabalho é testar a funcionalidade dos genes para catabolizar mio-inositol em *M. hyopneumoniae*. O cultivo da bactéria foi realizado em meio Friis líquido. Para a extração do RNA foi utilizado TRIzol®. A síntese de cDNA foi realizada com 4 iniciadores reversos específicos. Além destes, 7 iniciadores diretos foram utilizados para verificar a transcrição das seqüências codificadoras e se estas constituem 1 operon. A confirmação dos produtos da RT-PCR é obtida por seqüenciamento de DNA. Foram obtidos 9 amplicons do tamanho esperado. Destes, 5 já foram verificados por seqüenciamento de DNA, confirmando a transcrição de 6 ORFs e a co-transcrição de 2 pares de genes. Os resultados obtidos indicam a co-transcrição de 7 genes, totalizando um operon de 8698 pb com apenas uma região intergênica de 95 pb entre a 6ª e a 7ª ORFs. Estes resultados corroboram com a anotação do genoma.