

C. Ciências Biológicas - 3. Bioquímica - 1. Biologia Molecular

O USO DO REPARO DE DNA COMO FERRAMENTA NA PESQUISA DE FATORES ENVOLVIDOS NA PATOGENICIDADE DE *CORYNEBACTERIUM PSEUDOTUBERCULOSIS*

Karina Talita de Oliveira Santana¹

Flávia Costa Mendonça¹

Bruno Carvalho Resende¹

Anderson Myoshi²

Vasco Ariston de Carvalho Azevedo²

Débora de Oliveira Lopes¹

1. Laboratório de Biologia Molecular - Universidade Federal de São João Del Rei-CCO

2. Laboratório de Genética Celular e Molecular-Universidade Federal de Minas Gerais

RESUMO:

A Linfadenite Caseosa é uma doença crônica que afeta rebanhos de caprinos e ovinos, principalmente na região norte e nordeste do Brasil. Causada por uma bactéria gram-positiva chamada *Corynebacterium pseudotuberculosis* a Linfadenite Caseosa é distribuída globalmente causando grandes perdas econômicas. O reparo de DNA é um mecanismo de grande importância para a manutenção da estabilidade genômica de qualquer organismo, o que o torna uma ferramenta valiosa na busca da cura contra agentes infecciosos, pois a ineficiência deste sistema pode promover a instabilidade genômica e levar o organismo à morte. A eficácia dos tratamentos existentes hoje para a cura de animais infectados é muito baixa, necessitando assim de um estudo detalhado do genoma desse organismo para melhor entendimento dos fatores relacionados à sua virulência e patogenicidade. O objetivo desse trabalho é identificar e caracterizar as vias de reparo de DNA de *Corynebacterium pseudotuberculosis* e de outras sete espécies de *Corynebacterium*, patogênicas ou não, e relacionar o sistema de reparo do DNA com fatores envolvidos na patogenicidade e virulência deste organismo. A partir do genoma completo da *C. pseudotuberculosis* disponibilizado pela Rede Genoma de Minas Gerais, foram feitas análises in silico com o objetivo de se levantar as vias de reparo presentes neste organismo e buscar os genes homólogos em outras sete espécies de *Corynebacterium*. Foram usados os programas BLAST e CoryneRegNet, onde foram obtidas as seqüências homólogas das outras espécies. Para a construção da árvore filogenética foi usado o programa PHYLIP do ExPasy Proteomic Server. As vias de reparo do DNA, em geral, são bem conservadas, sendo que as vias NER e de recombinação se destacaram por possuírem praticamente todos os genes conservados. O gene mug, que faz parte da via BER e codifica uma enzima da família das uracil DNA-glicosilases, foi encontrado apenas em duas bactérias, ambas patogênicas. Através de análises filogenéticas verifica-se que essas bactérias que estão agrupadas no mesmo cluster, fato que nos estimula a verificar o envolvimento do gene mug com a patogenicidade do organismo. Como perspectiva, pretende-se clonar o gene mug para a realização de testes de complementação funcional em bactérias deficientes nesta via de reparo, após tratamento agentes mutagênicos.

Instituição de Fomento: FAPEMIG e UFSJ

Palavras-chave: bioinformática, reparo de DNA, *Corynebacterium pseudotuberculosis*.