



PREDIÇÃO E CARACTERIZAÇÃO FÍSICO-QUÍMICA *IN SILICO* DE PROVÁVEIS HISTIDINA-QUINASES NO GÊNERO *Sporothrix*

FERNANDES, Mirele Rodrigues¹; COSTA, Anderson da Cunha²; NOBRE, Augusto Feynman Dias³; ROCHA, Marcos Fábio Gadelha⁴; BRILHANTE, Raimunda Sâmia Nogueira⁵

RESUMO

Introdução: O gênero *Sporothrix* é formado por fungos termodimórficos, dentre ele *S. schenckii*, *S. brasiliensis* e *S. globosa*, causadores da esporotricose. A proteína DRK1, uma histina-quinase, é necessária para transição da forma filamentosa para a leveduriforme e a expressão de diversos fatores de virulência em termodimórficos. Em *S. schenckii*, uma DRK1 foi descrita, denominada *SsDRK1*. Entretanto, homólogas ainda não foram descritas em outras espécies do gênero. **Objetivo:** Descrever prováveis homólogas de *SsDRK1*, caracterizando alguns de seus aspectos físico-químicos. **Material e métodos:** O BLAST Genomes (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) foi utilizado na busca por prováveis homólogos do gene de *SsDRK1* (número de acesso JX416706) nos genomas de espécies do gênero *Sporothrix* atualmente disponíveis no Genbank (*S. brasiliensis*, *S. globosa*, *S. insectorum*, *S. pallida* e *S. phasma*). ORFs e suas prováveis sequências de aminoácidos foram obtidas pelo ORFfinder (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/orffinder/>). O alinhamento das proteínas obtidas foi realizado através do programa BioEdit 7.2.5, assim como a produção de uma matriz de similaridade. As características físico-químicas foram obtidas através do servidor ProtParam (<https://web.expasy.org/protparam/>). O programa MEMSAT-SVM (<http://bioinf.cs.ucl.ac.uk/psipred/>) foi utilizado para identificar prováveis hélices transmembranas. **Resultados:** Todos os genomas analisados apresentaram prováveis homólogas para *SsDRK1*. Proteínas das espécies causadoras da esporotricose tiveram maior similaridade entre si (99,1-99,6%) que com proteínas das demais espécies (85,9-96%). Todas as proteínas apresentaram G Box, H Box, D Box e N Box com seus principais resíduos conservados, sendo potencialmente ativas. Seus pesos moleculares variavam entre 146,7 e 148,2 kDa e seu pI de 5,43 a 5,69. Todas as proteínas mostraram-se altamente termostáveis, sendo 91,62 o menor índice alifático encontrado. Como esperado para histidina-quinases, apresentam sua porção N-terminal extracelular e C-terminal intracelular, com uma hélice transmembrana predita no início da G Box. **Conclusão:** As DRK1 aparentam serem proteínas conservadas no gênero *Sporothrix*, tendo provavelmente atividade similar à vista em outros fungos termodimórficos. Em todos os aspectos analisados, proteínas pertencentes aos agentes etiológicos da esporotricose foram bastante similares entre si. Análises posteriores, como dados do transcriptoma e proteoma, fazem-se necessários para uma melhor compreensão do papel das DRK1 na reversão em *Sporothrix* sp.

Palavras-chave: bioinformática; DRK1; esporotricose; *Sporothrix*; termodimorfismo.

¹ Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, Ceará. mirele.mrf@gmail.com.

² Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, Ceará. andersoncosta.biomed@gmail.com.

³ Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, Ceará. feynmandias@gmail.com.

⁴ Universidade Estadual do Ceará, Fortaleza, Ceará. mfgrocha@gmail.com.

⁵ Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, Ceará. samiabrilhante@gmail.com.