

juntamente com *C. laurentii*. Os tipos moleculares mais determinados foram VNI e VGII. Esses dados corroboram outros estudos feitos no Sudeste do Brasil.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2018.10.241>

EP-180

VARIANTE GENOTÍPICA INCOMUM DE PARACOCCIDIOIDES BRASILIENSIS IDENTIFICADA EM PACIENTE DO SUDESTE BRASILEIRO



Tiago Alexandre Cocio, Erika Nascimento, Marcia Regina Von Zeska Kress, Eduardo Bagagli, Roberto Martinez

Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto (FMRP), Universidade de São Paulo (USP), Ribeirão Preto, SP, Brasil

Ag. Financiadora: Faepa-HCFMRP/USP e Capes
Nº. Processo: -

Data: 19/10/2018 - Sala: TV 5 - Horário: 13:44-13:49 - Forma de Apresentação: E-pôster (pôster eletrônico)

Introdução: A paracoccidiodomicose (PCM) é uma infecção fúngica endêmica de países da América Latina, principalmente no Brasil. Causam a PCM, forma crônica e aguda da doença, os fungos *Paracoccidioides brasiliensis* e *Paracoccidioides lutzii*. *P. brasiliensis* é composto por cinco espécies filogenéticas, S1a e S1b são grupo parafilético distribuído no Brasil, Argentina, Paraguai, Peru e Venezuela; PS2 grupo monofilético distribuído no Brasil e Venezuela; PS3 grupo monofilético encontrado somente na Colômbia e PS4 grupo monofilético encontrado exclusivamente na Venezuela. A espécie filogenética 3 (PS3) pertencente ao complexo *P. brasiliensis* foi caracterizada por Matute et al. (2006) e classificada como monofilética, geograficamente restrita à Colômbia e considerada uma linhagem evolutiva independente das outras espécies filogenéticas. Em 2016 foram identificados como PS3 dois isolados (humano e solo, respectivamente) da Venezuela, sugeriram a expansão geográfica dessa espécie filogenética em países sul-americanos.

Objetivo: Neste estudo o isolado clínico BAT, obtido de paciente com a forma subaguda da PCM, da região de Ribeirão Preto, SP, Brasil, foi submetido a identificação molecular com as técnicas de PCR-RFLP (*Polymerase Chain Reaction - Restriction Fragment Length Polymorphism*) do gene *tub1* e sequenciamento do gene GP43 Exon 2 com a finalidade de conhecer a qual espécie filogenética pertence.

Metodologia: O DNA genômico de BAT e das cepas de referências (Pb18 [S1b]); Pbdog-EPM194 (PS2); T2-EPM54 (PS3); Pb01 (*P. lutzii*) foi submetido a PCR (*Polymerase Chain Reaction*) convencional para confirmar o isolado no gênero *Paracoccidioides*, amplificar o gene *tub1* para aplicar a técnica PCR-RFLP para a identificação filogenética e sequenciar o gene GP43 Exon 2 para confirmação da genotipagem.

Resultado: O isolado clínico BAT pertence ao gênero *Paracoccidioides*, foi identificado como PS3 pela técnica PCR-RFLP e observou-se pelo sequenciamento do gene GP43 Exon 2 uma similaridade de 100% com a cepa de referência T2-EPM54 (PS3) e proximidade genética com Pb18 (S1b).

Discussão/conclusão: A identificação da variante genotípica PS3 no Sudeste brasileiro, onde prevalecem S1a e S1b, é a chave para o entendimento de especiações e disseminação territorial do gênero *Paracoccidioides*. Ainda é desconhecido se novas espécies e genótipos de *Paracoccidioides* implicam diferenças nas manifestações da PCM.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2018.10.242>

Área: MICROBIOLOGIA/IRAS

Sessão: MICOLOGIA

EP-181

AVALIAÇÃO DA PRODUÇÃO DE METALOPROTEINASES DE MATRIZ POR NEUTRÓFILOS E MACRÓFAGOS HUMANOS EM RESPOSTA AO PARACOCCIDIOIDES BRASILIENSIS



Marina Pozzi Lanza, Ronei Luciano Mamoni, Luana Carolina Rech, Ana Lúcia Galastri

Faculdade de Medicina de Jundiaí, Jundiaí, SP, Brasil

Ag. Financiadora: Fapesp; Capes/CNPq
Nº. Processo: #2013/24286-0

Data: 19/10/2018 - Sala: TV 5 - Horário: 13:51-13:56 - Forma de Apresentação: E-pôster (pôster eletrônico)

Introdução: A paracoccidiodomicose (PCM) é a micose sistêmica mais prevalente no Brasil. É causada por fungos dimórficos do gênero *Paracoccidioides* (*P. brasiliensis* [Pb] e *P. lutzii*) e acomete principalmente pulmões, tecidos epiteliais e o sistema fagocítico-mononuclear. A doença apresenta duas formas clínicas: na forma aguda ocorre processo granulomatoso frouxo com numerosos fungos; e na forma crônica granulomas epitelioides com poucos fungos, frequentemente evolui para fibrose, com sequelas incapacitantes. Em outras doenças, também caracterizadas por fibrose, sabe-se que enzimas denominadas metaloproteinases de matriz (MMPs) participam da destruição e remodelação tecidual, mas na PCM o conhecimento sobre o papel dessas enzimas ainda é incipiente.

Objetivo: Avaliar a produção e atividade gelatinolítica de MMPs (MMP-1, MMP-2, MMP-3 e MMP-9) por neutrófilos e macrófagos humanos estimulados com células leveduriformes de Pb.

Metodologia: Monócitos e neutrófilos foram purificados por separação imunomagnética a partir de amostras de sangue periférico obtidas de indivíduos saudáveis. Macrófagos foram diferenciados a partir dos monócitos pelo tratamento com GM-CSF por cinco dias. Após purificação (neutrófilos) e diferenciação (macrófagos), as células foram estimuladas com células leveduriformes Pb (cepa Pb18) ou LPS por 24 horas. A produção de MMPs nos sobrenadantes de cultura foi avaliada por Elisa e sua atividade gelatinolítica foi avaliada por zimografia de lisados celulares.

Resultado: Nossos resultados mostraram que para neutrófilos ocorreu aumento da produção das MMP-2, MMP-3 e MMP-9 após estímulo com as leveduras, além de aumento da atividade gelatinolítica de MMP-9. Para macrófagos,