

UNIVERSIDADE DE AVEIRO

Investigação revela segredos da biologia de vários fungos



Investigadores do IBMC - Universidade do Porto e do Departamento de Biologia / CESAM - Universidade de Aveiro acabam de publicar um estudo que explica como vários fungos do género "Candida" vivem com um código genético atípico e ambíguo. O trabalho publicado no último número da revista científica Americana PNAS ajuda a clarificar uma das questões da biologia destes fungos que há muito intriga a comunidade científica.

A versatilidade do código genético descoberta durante os últimos 40 anos em bactérias, fungos e organismos ciliados foge às regras rígidas da universalidade que o definem e tem intrigado a comunidade científica que não a tem conseguido explicar. Em particular, não se compreendia até agora como escapam dos erros e dos estragos nas células os fungos do género "Candida" (maioritariamente patogénicos) que traduzem de forma ambígua as mensagens codificadas nos seus genomas.

Os investigadores do Porto e de Aveiro descobriram que os genes destes fungos evoluíram de tal modo que as suas proteínas não são destruídas pela alteração das regras do código genético. Segundo Sandra de Macedo Ribeiro, coordenadora da equipa do IBMC, aquilo que se julgava ser um problema que os fungos tinham que resolver "poderá até ser uma vantagem, no caso concreto da "Candida albicans", para o processo de infeção". O complexo estudo da estrutura das proteínas destes fungos levado a cabo pelas duas equipas do Porto e de Aveiro per-

mitiu perceber que estes organismos não eliminaram ao longo da evolução o factor que leva à leitura ambígua dos genes, optando por estratégias subtis de adaptação a tal ambiguidade. "Nós já sabíamos que os genes de "C. albicans" eram traduzidos de forma ambígua mas não sabíamos como é que as suas proteínas toleravam tal ambiguidade. Os novos estudos revelaram uma flexibilidade desconhecida dos mecanismos de evolução dos genes e mostraram como a sua reestruturação permite aos seres vivos sobreviverem e adaptarem-se a condições caóticas, abrindo novas perspectivas para se compreender a capacidade de sobrevivência a eventos genéticos catastróficos", conclui Manuel Santos, o investigador responsável por este estudo no Departamento de Biologia da Universidade de Aveiro.

Segundo os autores, os segmentos sujeitos a ambiguidade foram relocalizados para zonas dos genes que não causam alterações estruturais ou funcionais dramáticas nas proteínas por eles codificadas, com excepção de algumas situações raras. De facto e segundo o estudo, "a 'Candida albicans' manteve alguns desses segmentos em locais essenciais para a regulação de vias de sinalização relacionadas com a virulência", adianta Sandra de Macedo Ribeiro. Este facto parece indicar que a ambiguidade pode ajudar o fungo a alterar a forma e função das proteínas de acordo com as condições do meio ambiente ou com as necessidades específicas do processo de infeção.