



V

**KARYO  
KINESIS**  
symposium

BOOK OF ABSTRACTS

Sharing and multiplaying knowledge on cell,  
molecular and developmental biology

**2023**

**October 25 to 27**

Florianópolis, SC

Graduate Program in Cell and Developmental Biology

**V KARYOKINESIS SYMPOSIUM  
BOOK OF ABSTRACTS**

Florianópolis, 2023

**V Karyokinesis Symposium - Book of abstracts**  
Graduate Program in Cell and Developmental Biology

**Technical credits**

**Layout and diagramation**

Sarah Kirchhofer de Oliveira Cabral

Nathali Parise Taufer

**Cover and graphic design**

Sarah Kirchhofer de Oliveira Cabral

# V KARYOKINESIS SYMPOSIUM

## RESPONSIBLE PROFESSOR

Franceli Rodrigues Kulcheski, PhD

## PRESIDENCY

Nathali Parise Taufer, MSc

Bernardo Perin Cima, MSc

Franceli Rodrigues Kulcheski, PhD

## ORGANIZING COMMITTEE

Nathali Parise Taufer, MSc

Bernardo Perin Cima, MSc

Sarah Kirchhofer de Oliveira Cabral

João Victor Krüger Pinto, MSc

Camila Santos de Souza, MSc

Nathália Ronconi Zilli Krüger, MSc

Ana Carolina dos Santos

Franceli Rodrigues Kulcheski, PhD

## SCIENTIFIC COMMITTEE

Aline Guimarães Pereira, PhD

Ana Paula Nascimento, PhD

Andrea Rita Marrero, PhD

Carla Eliana Davico, PhD

Carlos Ivan Aguilar Vildoso, PhD

Cláudia Beatriz N. M. Aguiar, PhD

Débora Tomazi Pereira, PhD

Diego Amarante da Silva, PhD

Emily Bruna Justino, PhD

Evelise Maria Nazari, PhD

Gabriel Adan Araujo Leite, PhD

Gabriela Hollmann, PhD

Geison de Souza Izídio, PhD

Geisson Marcos Nardi, PhD

Heloísa Schramm da Silva, PhD

Kamila Voges, PhD

Leili Daiane Hausmann, PhD

Luciane Cristina Ouriques, PhD

Madson Silveira de Mello, PhD

Maria Luiza G. de Oliveira, PhD

Norma Machado Da Silva, PhD

Priscilla Barros Delben, PhD

Ricardo Castilho Garcez, PhD

Talita Da Silva Jeremias, PhD

Virginia Meneghini Lazzari, PhD

Viviane Glaser, PhD

Yara Costa Netto Muniz, PhD

Catálogo na fonte pela Biblioteca Universitária  
da Universidade Federal de Santa Catarina

K18b Karyokinesis Symposium (5. : 2023 : Florianópolis)  
Book of abstracts [recurso eletrônico] : sharing and  
multiplying knowledge on cell, molecular and developmental  
biology / presidentes do evento: Nathali Parise Taufer,  
Bernardo Perin Cima ; organização: Franceli Rodrigues  
Kulcheski ... [et al.]. – Florianópolis : UFSC, 2023.  
63 p.

E-book (PDF)  
ISBN 978-85-8328-238-9

1. Biologia celular – Congressos. 2. Biologia molecular –  
Congressos. 3. Biologia do desenvolvimento – Congressos.  
I. Taufer, Nathali Parise. II. Cima, Bernardo Perin.  
III. Kulcheski, Franceli Rodrigues. IV. Título.

CDU: 576.3

# PROGRAM

---

- 8:30 Registration  
9:00 Opening ceremony  
Lecture 1 - Why I choose development  
Evelise Maria Nazari, PhD  
10:00 Coffee break  
10:30 Round table 1 - Técnicas laboratoriais em Biologia Molecular: edição e silenciamento gênico  
Chair: Franceli Rodrigues Kulcheski, PhD  
Patricia Hermes Stoco, PhD  
Ricardo Ruiz Mazzon, PhD  
12:00 Lunch break  
14:00 Poster presentations: Session I  
15:00 Coffee break  
15:30 Lecture 2 - Projeto Imagine: Pós-Graduação e Inclusão Científica  
André de Ávila Ramos, PhD
- 

October 25<sup>th</sup>

- 9:00 Oral presentations: Session I  
10:00 Coffee break  
10:30 Lecture 3 - 4D Biomolecular Information: Using Molecular Dynamics Simulations in Invertebrate Biology  
Guilherme Razzera, PhD  
12:00 Lunch break  
14:00 Poster presentations: Session II  
15:00 Coffee break  
15:30 Round table 2 - Ciências na perspectiva do novo ensino médio  
Chair: Fernanda de Souza Pereira, MSc  
Leonardo Maurício Pisetta Gorges, MSc  
Vinicyus Coelho Gualberto
- 

October 26<sup>th</sup>

- 9:00 Oral presentations: Session II  
10:00 Coffee break  
10:30 Lecture 4 - Studying cells: a life project  
Andréa Gonçalves Trentin, PhD  
12:00 Lunch break  
14:00 Poster presentations: Session III  
15:00 Coffee break  
15:30 Lecture 5 - Alterações CitoGenômicas e novos biomarcadores em neoplasias hematológicas  
Daniel Pacheco Bruschi, PhD  
16:40 Awards and closing ceremony
- 

October 27<sup>th</sup>

## EVENT SPONSORSHIP

### DIAMOND



### GOLD



### SILVER



## TABLE OF CONTENTS

ABORDAGENS ATIVAS E INVESTIGATIVAS PARA O ESTUDO DA REPRODUÇÃO HUMANA E SEUS TEMAS CONTEMPORÂNEOS TRANSVERSAIS RELACIONADOS À SAÚDE .....	11
AFINAL, QUEM SOU EU E QUAL MINHA IMPORTÂNCIA? UMA SEQUÊNCIA DIDÁTICA INVESTIGATIVA SOBRE O FILO ARTHROPODA E SUA IMPORTÂNCIA PARA O ENSINO MÉDIO .....	12
ANÁLISE DOS EFEITOS DO EXCESSO DE COBRE NA MORFOLOGIA, FUNÇÃO E BIOGÊNESE MITOCONDRIAL EM CÉLULAS DE GLIOBLASTOMA.....	13
APLICANDO A METODOLOGIA ATIVA COM ESTUDANTES DO ENSINO MÉDIO, NA EXTRAÇÃO DO DNA DE MORANGOS.....	14
ASPECTOS MORFOLÓGICOS DE <i>Ulva lactuca</i> (LINNEAUS) CULTIVADA COM ÁGUA DA LAGOA DA CONCEIÇÃO.....	15
ASSOCIAÇÃO DE UMA VARIANTE DO GENE TERT COM DADOS CLÍNICOS DA COVID-19 EM PACIENTES CATARINENSES .....	16
ASSOCIAÇÃO DO POLIMORFISMO -174C/G ( <i>rs1800795</i> ) DO GENE <i>IL6</i> COM DESFECHOS CLÍNICOS DE PACIENTES HOSPITALIZADOS COM COVID-19.....	17
ASSOCIAÇÃO DO POLIMORFISMO DOS GENES <i>MUC5B</i> E <i>MMP7</i> COM OS DIFERENTES NÍVEIS DE GRAVIDADES CLÍNICAS EM PACIENTES COM COVID-19 .....	18
ASSOCIAÇÃO GENÉTICA ENTRE VARIANTES NOS GENE DE INTERLEUCINAS COM A SUSCETIBILIDADE DA COVID-19.....	19
AVALIAÇÃO DO COMPRIMENTO DE TELÔMEROS EM PACIENTES COM ARTRITE REUMATOIDE ASSOCIADA À DOENÇA PULMONAR INTERSTICIAL.....	20
CANINE AND FELINE MESENCHYMAL STROMAL CELLS DIFFER IN THEIR MORPHOLOGICAL FEATURES .....	21
CÉLULAS ESTROMAIS MESENQUIMAIS: CIÊNCIA BÁSICA E APLICADA NA MEDICINA REGENERATIVA VETERINÁRIA .....	22
COMO MOTIVAR O ESTUDO DA MORFOLOGIA UTILIZANDO PLANTAS SUCULENTAS?.....	23
CULTIVO DA MACROALGA VERMELHA <i>HYPNEA MUSCIFORMIS</i> (GIGARTINALES, CYSTOCLONIACEAE) EM ÁGUA CONTAMINADA: ANÁLISE MORFOFISIOLÓGICA E POTENCIAL BIORREMEIADOR.....	24
DESVENDANDO OS MISTÉRIOS DA MODULAÇÃO EPIGENÉTICA .....	25
DOES PYRIPROXYFEN INDUCE ULTRASTRUCTURAL DAMAGE IN NEURAL CELLS? .....	26



EFEITO DA EXPANSÃO <i>IN VITRO</i> E CARACTERIZAÇÃO DO PERFIL SENESCENTE DE CÉLULAS TRONCO ESTROMAIS MESENQUIMAIS DERIVADAS DE TECIDO ADIPOSE.....	27
EFEITO DE EXTRATOS CANÁBICOS FULL SPECTRUM SOBRE A VIABILIDADE CELULAR DE LINHAGENS GLIOBASTOMA MULTIFORME (GBM).....	28
EFEITOS DE HERBICIDAS DO CULTIVO DE ARROZ NO DESENVOLVIMENTO DE GIRINOS DE RÃ-TOURO ( <i>Aquarana catesbeiana</i> ) .....	29
EFEITOS DO EXCESSO DE COBRE NA BIOGÊNESE MITOCONDRIAL EM CÉLULAS DAS LINHAGENS C6 E U-87 MG .....	30
EVALUATION OF REPLICATIVE SENESCENCE OF FELINE ADIPOSE TISSUE-DERIVED MESENCHYMAL STROMAL CELLS DURING <i>IN VITRO</i> AMPLIFICATION.....	31
EVALUATION OF SYSTEMIC TOXICITY AND REPRODUCTIVE HEALTH OF FEMALE MICE EXPOSED TO ROSUVASTATIN DURING ADULT LIFE.....	32
EXTRAEMBRYONIC VESSELS AS A MODEL TO INVESTIGATE DEVELOPMENTAL EXPOSURE TO METHYLMERCURY.....	33
GENÔMICA ESTRUTURAL DA JABUTICABEIRA ( <i>PLINIA TRUNCIFLORA</i> ) UTILIZANDO O SOFTWARE CANU PARA <i>ASSEMBLING</i> .....	34
IDENTIFICATION OF GENES ASSOCIATES WITH THE BIOTRANSFORMATION PROCESS IN SEABIRDS .....	35
IMPACT OF MEHG ON HEPATIC BLOOD VESSELS DURING EMBRYONIC DEVELOPMENT .....	36
<i>IN VITRO</i> ANTITUMOR ACTIVITY OF CURCUMIN CONTROLLED-RELEASE POLYMERIC MEMBRANES ON MDA-MB-231 CELLS .....	37
INFLUÊNCIA DA CRIOPRESERVAÇÃO NO SECRETOMA DE CÉLULAS ESTROMAIS MESENQUIMAIS DO TECIDO ADIPOSE CANINO .....	38
INFLUÊNCIA DA IDADE DO OÓCITO NO DESENVOLVIMENTO EMBRIONÁRIO INICIAL <i>IN VITRO</i> : UMA ABORDAGEM NA REPRODUÇÃO HUMANA ASSISTIDA.....	39
INFLUÊNCIA DA VARIABILIDADE EM GENES DE INTERLEUCINAS NO PROGNÓSTICO DE DOENÇAS PULMONARES .....	40
INSIGHTS INTO ZIKV INFECTION ON CRANIOFACIAL MORPHOLOGICAL ALTERATIONS AND SHARED GENETIC MODULATION.....	41
ISTs (HPV, HERPES GENITAL E GONORREIA): SINTOMAS, TRANSMISSÃO E PREVENÇÃO .....	42

MARCADORES GENÉTICOS RELACIONADOS A PIOR PROGNÓSTICO NO CO-DIAGNÓSTICO DA DOENÇA PULMONAR INTERSTICIAL - ARTRITE REUMATÓIDE.....	43
METODOLOGIA ATIVA NO ENSINO DO PAPEL ECOLÓGICO DOS PREDADORES DE TOPO .....	44
MICRORNAS COMO BIOMARCADORES DE CÂNCER DE MAMA: UMA ANÁLISE <i>IN SILICO</i> .....	45
MINICURSOS PARA A COMUNIDADE COMO FORMA DE EXTENSÃO UNIVERSITÁRIA: A VIVÊNCIA DO LACERT.....	46
miRNAS EM PACIENTES PRÉ E PÓS-CIRURGIA BARIÁTRICA COMO PREDITORES DE SUCESSO PARA O TRATAMENTO CIRÚRGICO.....	47
NEW miRNAs AND THEIR TARGETS INVOLVED IN BIOTIC STRESS IN COMMON BEAN.....	48
NÍVEIS DE EXPRESSÃO DE IL-10 COMO POTENCIAL BIOMARCADOR EM MULHERES COM LES .....	49
O PAPEL DOS NANOTUBOS DE TUNELAMENTO NO PROCESSO DE TRANSFERÊNCIA DA RESISTÊNCIA AO TMZ ENTRE CÉLULAS DE GLIOBLASTOMA HUMANO.....	50
PATTERNS OF OCCURRENCE OF THE <i>Aedes aegypti</i> VECTOR IN THE CITY OF FLORIANÓPOLIS .....	51
PRÁTICAS INVESTIGATIVAS COMO ESTRATÉGIAS DIDÁTICAS VOLTADAS PARA O PROCESSO DE ENSINO-APRENDIZAGEM DO TEMA CICLO CELULAR ....	52
PYRIPROXYFEN EXPOSURE FROM PRE-PUBERTY TO SEXUAL MATURITY PROMOTES ENDOMETRIAL IMPAIRMENT AND INCREASES FETAL DEATH IN THE OFFSPRING OF FEMALE MICE .....	53
PYRIPROXYFEN EXPOSURE SINCE PRE-PUBERTY INCREASES INTERSTITIAL TISSUE IN THE OVARIES OF FEMALE MICE AT ADULTHOOD: A POSSIBLE ANDROGENIC ACTIVITY.....	54
PYRIPROXYFEN INDUCES CARDIOTOXIC EFFECTS DURING EMBRYONIC DEVELOPMENT .....	55
PYRIPROXYFEN INDUCES CHANGES IN MITOCHONDRIAL ULTRASTRUCTURE DURING EMBRYONIC DEVELOPMENT .....	56
REAVALIAÇÃO DO ENSAIO DE FECHAMENTO DE FERIDA DE CÉLULAS ESTROMAIS MESENQUIMAIS DE TECIDO ADIPOSEO CANINO E OPTIMIZAÇÃO DO PROTOCOLO DE ALFA-SMA.....	57
THE EFFECTS OF ENVIRONMENTAL ENRICHMENT ON RAT STRAINS MODEL FOR ATTENTION DEFICIT HYPERACTIVITY DISORDER .....	58

THE PERCEPTION OF THE BRAZILIAN POPULATION REGARDING THE SAFETY AND EFFICACY OF VACCINES OFFERED AGAINST COVID-19.....	59
UNRAVELING THE MOLECULAR DIALOGUE: INVESTIGATION OF COMMON BEAN ( <i>Phaseolus vulgaris</i> L.) microRNAs INVOLVED IN DEFENSE MECHANISMS DURING ANTHRACNOSE .....	60
UVB RADIATION EXPOSURE INDUCED MITOPHAGY IN EMBRYONIC AND LARVAL CELLS OF <i>MACROBRACHIUM OLFERSII</i> .....	61
ZIKA VIRUS DOWNREGULATES LHX2, A MAJOR REGULATOR OF CORTICOGENESIS.....	62

## ABORDAGENS ATIVAS E INVESTIGATIVAS PARA O ESTUDO DA REPRODUÇÃO HUMANA E SEUS TEMAS CONTEMPORÂNEOS TRANSVERSAIS RELACIONADOS À SAÚDE

Cíntia Jardim da Silva<sup>1</sup>; Evelise Maria Nazari<sup>1,2</sup> [cintiajardim.29@gmail.com](mailto:cintiajardim.29@gmail.com)

<sup>1</sup>Universidade Federal de Santa Catarina - Mestrado Profissional em Ensino de Biologia;

<sup>2</sup>Universidade Federal de Santa Catarina – PPG Biologia Celular e do Desenvolvimento.

### RESUMO

A adolescência, um período de transição entre a infância e a idade adulta, é marcada por complexos processos de desenvolvimento biopsicossocial. A puberdade, uma parte fundamental desse período, envolve mudanças físicas e hormonais, que culminam com a aquisição da maturidade sexual. No entanto, a abordagem relacionada à reprodução humana e seus temas contemporâneos transversais e à saúde ainda é um desafio no Ensino Médio. Enquanto os estudantes demonstram curiosidade pelo tema, muitos dos professores estão despreparados para abordá-lo. A delicadeza das questões relacionadas à fisiologia reprodutiva e aos valores comportamentais torna o tema ainda mais sensível. Tais dificuldades estimulam os estudantes a buscarem informações no senso comum, as quais muitas vezes estão distorcidas, aumentando suas dúvidas e incertezas. Diante deste panorama, o presente projeto de dissertação no Mestrado Profissional em Ensino de Biologia (PROFBIO) tem por objetivo integrar os conteúdos morfofuncionais relacionados à reprodução humana e à saúde reprodutiva, através de metodologias ativas e investigativas. Busca-se alinhar o interesse dos estudantes à prática docente e oportunizar um envolvimento ativo dos estudantes no processo de ensino-aprendizagem. Para tal, serão elaboradas sequências didáticas com atividades de caráter investigativo, que abordem os sistemas genitais feminino e masculino e seus temas contemporâneos transversais relacionados à saúde. Espera-se aprimorar a compreensão e a conscientização dos estudantes, estimulando-os a pensar criticamente e capacitando-os a enfrentar os desafios contemporâneos relacionados à reprodução e à saúde sexual. As atividades da sequência didática poderão servir de apoio na preparação de aulas, ou mesmo na aplicação direta em sala de aula pelos professores.

**Palavras-chave:** Saúde sexual, Estratégias didáticas, Aprendizagem ativa, Ensino por investigação.

## AFINAL, QUEM SOU EU E QUAL MINHA IMPORTÂNCIA? UMA SEQUÊNCIA DIDÁTICA INVESTIGATIVA SOBRE O FILO ARTHROPODA E SUA IMPORTÂNCIA PARA O ENSINO MÉDIO

Anelize Camila Stallbaum<sup>1</sup>; Carlos Rogério Tonussi<sup>2</sup> [anelizebio@gmail.com](mailto:anelizebio@gmail.com)

<sup>1</sup>Mestranda do Programa de Pós-Graduação em Ensino de Biologia em Rede Nacional - PROFBIO, Universidade Federal de Santa Catarina; <sup>2</sup>Docente PROFBIO, Universidade Federal de Santa Catarina

### RESUMO

O filo *Arthropoda* possui grande importância ecológica e econômica na sociedade, abrigando milhares de espécies já descritas, muitas delas sendo utilizadas pelo homem em diversos setores da economia, além de serem importantes para o meio ambiente e manutenção da biodiversidade. O estudo de animais invertebrados, principalmente dos artrópodes, é visto como algo difícil pelos estudantes devido aos muitos nomes e diversas funcionalidades desses organismos. Para tornar o estudo sobre esse tema mais motivador, foi desenvolvida uma ferramenta didática baseada em um jogo de cartas a ser aplicado com alunos da 2ª do ensino médio. A atividade consistiu em dividir a turma em 8 grupos, cada grupo recebeu um jogo com 10 cartas contendo dicas sobre a morfologia, nicho ecológico, distribuição geográfica e algumas curiosidades acerca de alguns animais deste filo. Com base nessas dicas, os alunos levantaram hipóteses sobre o animal e sua importância, tanto para o meio ambiente quanto para a economia, realizaram pesquisas bibliográficas para confirmar ou refutar essas hipóteses e, posteriormente, compartilharam as informações obtidas em uma roda de conversa na sala aula. A atividade também contou com a criação de um pequeno documentário em forma de vídeo sobre os animais abordados por cada grupo. Esse material produzido pelos alunos foi apresentado em sala de aula e permitiu a socialização do conhecimento construído pelos discentes ao longo das aulas. A atividade foi desenvolvida em um total de 6 aulas de 45 minutos cada, sendo que, inicialmente, o planejamento incluía apenas 3 aulas, porém, a pedido dos próprios alunos, foram disponibilizadas mais 3 aulas para a elaboração do roteiro e criação dos vídeos. A presente atividade mostrou-se satisfatória à medida em que permitiu aos discentes melhor compreensão das características de cada subfilo pertencente ao filo *Arthropoda*, ao passo em que envolveu os alunos de forma satisfatória, atingindo os objetivos esperados e contribuindo para a divulgação científica sobre os artrópodes, tanto no meio escolar quanto no meio social onde esses alunos encontram-se inseridos, e onde, ao longo do tempo, atuam como disseminadores de informações científicas.

**Palavras-chave:** Artrópodes, Ensino por investigação, Ludicidade, Aprendizagem.

## ANÁLISE DOS EFEITOS DO EXCESSO DE COBRE NA MORFOLOGIA, FUNÇÃO E BIOGÊNESE MITOCONDRIAL EM CÉLULAS DE GLIOBLASTOMA

Giovanna Romio Tassinari<sup>1</sup>; Cláudia Beatriz Nedel<sup>1</sup>; Viviane Glaser<sup>1</sup>. [gitassinari.contato@gmail.com](mailto:gitassinari.contato@gmail.com)

<sup>1</sup> Programa de Pós-graduação em Biologia Celular e do Desenvolvimento, Universidade Federal de Santa Catarina

### RESUMO

O glioblastoma multiforme (GBM) é um tumor cerebral maligno de origem glial, que se origina a partir das células de suporte do sistema nervoso central (SNC). A estimativa de novos casos de câncer do SNC para o Brasil, a cada ano do triênio de 2023 a 2025, é de 11.490 casos. Mundialmente, constatou-se aproximadamente 310 mil casos novos de câncer do SNC (1,6%) entre todos os tipos de câncer. O tratamento padrão para o GBM é multidisciplinar, entretanto, apesar dessas abordagens terapêuticas, a sobrevida dos pacientes com GBM continua limitada. Neste sentido, a utilização de compostos de cobre no tratamento de tumores tem sido alvo de pesquisas devido às propriedades anticancerígenas atribuídas a esses compostos. O cobre é um micronutriente essencial para diversas funções celulares, incluindo a atividade de enzimas envolvidas no metabolismo energético, resposta ao estresse oxidativo e sinalização celular. No entanto, o acúmulo excessivo do metal pode levar a danos celulares e disfunção mitocondrial. Investigar os efeitos do excesso de cobre nas células de GBM, particularmente em relação à função mitocondrial, pode fornecer informações valiosas sobre os mecanismos moleculares subjacentes à progressão tumoral. Desta forma, o presente projeto visa analisar os efeitos do excesso de cobre no metabolismo energético em células GBM-1 e U-87 MG de GBM expostas ao excesso de cobre. A metodologia compreende o cultivo de células de linhagem de GBM-1 e U-87 MG expostas ao  $\text{CuSO}_4$  durante 24 e 48 horas em concentrações de 0 - 1200  $\mu\text{M}$ . A viabilidade celular será avaliada através do ensaio de MTT e vermelho neutro. Serão feitas análises de morfologia mitocondrial em microscópio eletrônico de transmissão, e a fisiologia mitocondrial será avaliada através da mensuração da atividade dos complexos da cadeia respiratória. Ainda, o potencial de membrana mitocondrial será analisado com a utilização da sonda JC-1. A análise do conteúdo de mRNA de proteínas envolvidas na biogênese mitocondrial (TFAM, PGC-1 $\alpha$  e NRF1/2) será quantificada através de RT-PCR em tempo real. Espera-se com a realização do presente projeto compreender os efeitos do excesso de cobre na morfologia, biogênese e função mitocondrial de células de GBM. Desta maneira, a execução do presente projeto contribuirá para o conhecimento e identificação de novos alvos terapêuticos e o desenvolvimento de abordagens mais eficazes para o tratamento do glioblastoma.

**Palavras-chave:** Cobre, Glioblastoma, Câncer, Mitocôndria



## APLICANDO A METODOLOGIA ATIVA COM ESTUDANTES DO ENSINO MÉDIO, NA EXTRAÇÃO DO DNA DE MORANGOS

Vinicyus Coelho Gualberto<sup>1</sup>; Norma Machado da Silva<sup>1</sup> [profvini@gmail.com](mailto:profvini@gmail.com)

<sup>1</sup> Universidade Federal de Santa Catarina

### RESUMO

Essa prática foi desenvolvida com estudantes do terceiro ano do Ensino médio na E.E.B. Francisco Tolentino, no município de São José, como parte das atividades solicitadas aos mestrandos do Programa de Mestrado Profissional em Ensino de Biologia (Profbio). A extração de DNA de morangos é uma prática comumente utilizada com estudantes do Ensino médio, porém, esse trabalho buscou desenvolver uma metodologia mais ativa, com foco investigativo. A atividade foi conduzida em grupos, e cada grupo recebeu o material necessário, e um protocolo com as etapas e procedimentos para extração do DNA dos morangos. Em um primeiro momento os estudantes seguiram o protocolo, e todos chegaram nos resultados esperados. Na etapa seguinte, perguntas diferentes foram feitas para cada grupo, sendo elas: A maceração dos morangos é relevante para obtenção do DNA das células? O tipo de álcool alteraria os resultados? A não utilização de detergente interferiria nos resultados anteriores? Os grupos tiveram tempo para discutir e elaborar hipóteses para tentar responder a pergunta que recebeu. Auxiliados pelo professor, sugeriram experimentos para testar as hipóteses levantadas. Os novos resultados obtidos foram anotados e as etapas dos procedimentos fotografadas. Os dados obtidos foram comparados com os dados do procedimento protocolar. Como fechamento desta atividade investigativa, houve uma discussão dos resultados obtidos com todos os alunos, no intuito de compartilhar os achados e os conhecimentos adquiridos. Os grupos confirmaram a importância da maceração dos morangos para um melhor rendimento na quantidade de DNA obtido. Também concluíram que o uso de detergente mostrou-se crucial na separação do DNA das outras estruturas celulares. Além disso, quando um grupo testou a etapa de precipitação do DNA com álcool líquido 95%, eles perceberam que a visualização do DNA ocorreu em menor tempo, e com maior rendimento, quando comparado ao mesmo experimento realizado com álcool gel 70%. A atividade investigativa demonstrou ser eficaz em envolver os alunos na prática do pensamento científico. A abordagem ativa estimulou habilidades como pensamento crítico, resolução de problemas e trabalho em equipe. A experiência ressaltou a importância da metodologia investigativa para a aprendizagem significativa e despertou o interesse dos alunos pela ciência.

**Palavras-chave:** Aprendizagem por Investigação, Extração de DNA, Ensino de Biologia, Protagonismo Estudantil.

## ASPECTOS MORFOLÓGICOS DE *Ulva lactuca* (LINNEAUS) CULTIVADA COM ÁGUA DA LAGOA DA CONCEIÇÃO

Yasmin Rodrigues Nascimento<sup>1</sup>; Felipe Moreira Custódio<sup>1</sup>; Alessandro Mateus Sloty<sup>1</sup>; Andressa França<sup>1</sup>; Carmen Simioni<sup>1</sup>; Luciane Cristina Ouriques<sup>1</sup>; Zenilda Laurita Bouzon<sup>1</sup>  
[yasminmin.rn@gmail.com](mailto:yasminmin.rn@gmail.com)

<sup>1</sup>Universidade Federal de Santa Catarina

### RESUMO

Devido a intensa urbanização e o avanço das construções em ambientes costeiros o volume de efluentes depositados em rios e mares tornou-se uma área de estudo e monitoramento intensivo a fim de analisar como os organismos que vivem nesses ambientes reagem com essa grande presença de matéria orgânica. Em janeiro de 2021, ocorreu um grave acidente de despejo de efluente na Lagoa da Conceição, que é um importante ecossistema para a região, já que muitos moradores dependem tanto da atividade pesqueira quanto turística, o incidente causou sérios danos ambientais e preocupações para a comunidade local. O despejo recorrente de efluentes é um problema comum, porém, a gravidade deste evento destacou a urgência de ações preventivas e de restauração sem prejudicar a população. Diante disso, surgem alternativas, como a biorremediação com macroalgas verdes, devido à sua presença natural nas áreas costeiras, crescimento rápido e capacidade de absorção de nutrientes. No presente estudo foi utilizado a macroalga *Ulva lactuca*, a qual se destaca pela sua vasta distribuição em diferentes tipos de ambientes costeiros o que caracteriza que sua capacidade de adaptação é relevante para os estudos de biorremediação. Foram selecionadas duas áreas na lagoa para a coleta de água: P1 - Ponta das Almas, e P2 CASAN (água coletada na região do derramamento de efluentes). Espécimes *Ulva lactuca* foram coletadas em Ponta das Canas aclimatadas as condições de laboratório para os experimentos. Após a aclimação, os espécimes de foram cultivados em três diferentes condições durante 14 dias a saber: controle (água mar com a adição de solução de von Stoch), Grupo P1 (Ponta das Almas) e grupo P2 Casan. No início, no meio e no final dos experimentos foram quantificados os nutrientes os principais nutrientes orgânicos. Os dois pontos da lagoa foram comparados com o grupo controle, o que simula as condições ideais para o crescimento de *U. lactuca*, sendo assim possível é correlacionar os dados. Após 7 e 14 dias foi avaliado a taxa de crescimento. No final do experimento (14 dias), o material foi separado para as análises em microscopia de luz, confocal, quantificação de (amido, açúcares, clorofila *a* carotenoides). Os resultados obtidos mostraram que em 7 dias, os espécimes de *U. lactuca*, cultivados com água do ponto P2 apresentaram um crescimento estatisticamente igual ao grupo controle, entretanto os cultivados com a água do ponto P1 apresentaram uma redução na taxa de crescimento. Porém, no final de 14 dias, os espécimes cultivados com água da lagoa (P1 e P2) apresentaram uma redução na taxa de crescimento quando comparadas com o controle. Análises microscópicas e bioquímicas confirmaram as alterações, com o acúmulo de grãos de amido e a diminuição dos pigmentos clorofila e carotenoides nas macroalgas cultivadas em P1 e P2 quando comparadas as plantas controle. Esse estudo realça a importância da compreensão dos impactos do despejo de efluentes em ecossistemas costeiros e introduz a *U. lactuca* como uma possível ferramenta de biorremediação, embora exija ajustes no período de análise para avaliar sua eficácia completa.

**Palavras-chave:** *Ulva lactuca*, Pigmentos Fotossintetizantes, Lagoa da Conceição, Morfologia



## ASSOCIAÇÃO DE UMA VARIANTE DO GENE *TERT* COM DADOS CLÍNICOS DA COVID-19 EM PACIENTES CATARINENSES

Gabriel Vaisam Castro<sup>1</sup>; Manuela Nunes Drehmer<sup>1</sup>; Daniele Delacanal Lazzari<sup>2</sup>; Yara Costa Netto Muniz<sup>1</sup>; Juliana Dal-Ri Lindenau<sup>1</sup> [Gabrielvaisam@gmail.com](mailto:Gabrielvaisam@gmail.com)

<sup>1</sup>Universidade Federal de Santa Catarina; <sup>2</sup>Hospital Universitário Polydoro Ernani de São Thiago

### RESUMO

A Covid-19 foi considerada um problema global de saúde pública com impactos relevantes de morbidade e mortalidade. Diversos fatores podem estar envolvidos na complexidade dessa patologia, justificando os motivos de tantos quadros clínicos distintos. As evidências encontradas até o momento sugerem que a Covid-19 é uma doença emergente associada ao envelhecimento, considerando que sua taxa de letalidade cresce exponencialmente com a idade e com a presença de doenças crônicas majoritariamente relacionadas ao seu aumento. Dessa forma, avaliar variantes genéticas em genes que estejam associados às condições moleculares de envelhecimento, como o caso do gene *TERT*, podem auxiliar na compreensão da patogênese da doença. Diante desse cenário, pretende-se investigar a associação do polimorfismo funcional rs2853669 presente na região promotora do gene *TERT* com gravidade do quadro clínico de Covid-19 e com seus desfechos clínicos. Este trabalho foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa com Seres Humanos da Universidade Federal de Santa Catarina (CEPSH-UFSC) sob parecer de número 4.164.291. O estudo foi conduzido analisando o DNA de 269 pacientes do estado de Santa Catarina, sendo 142 considerados com quadro grave e 127 considerados leves ou assintomáticos. Os dados clínicos dos pacientes foram extraídos dos prontuários médicos ou a partir de um questionário pré-estabelecido. O DNA genômico foi extraído a partir das amostras de sangue periférico pelo método de *Salting-Out*. A genotipagem da variante rs2853669 foi realizada por PCR em tempo real, através de sondas de hidrólise, utilizando os ensaios TaqMan® SNP Genotyping Assay (Applied Biosystems), conforme recomendações do fabricante. As análises estatísticas foram realizadas por teste-t, qui-quadrado e regressão logística, adotando um valor de  $p < 0,05$  como valor de significância no software SPSS. Nossos resultados sugerem que o alelo rs2853669-G está associado a maior prevalência de quadros de aneurisma, derrame ou AVC ( $p = 0,026$ ); a maiores taxas de infecção prévia por gripe ou resfriado ( $p = 0,021$ ); e a maiores taxas de alterações hormonais nos pacientes avaliados ( $p = 0,004$ ). Além disso, esse mesmo alelo foi considerado um fator de risco para tromboembolismo ( $p = 0,029$ ; OR = 2,675 (IC 1,106-6,386)). Em conclusão, nossos achados sugerem que o SNP rs2853669 está associado com particularidades clínicas da Covid-19. Esta variante tem sido relatada como alterando a funcionalidade da telomerase e os comprimentos dos telômeros, mas poucos estudos foram realizados com doenças multifatoriais como a Covid-19. Até o presente momento, este é o primeiro estudo a avaliar esse polimorfismo em uma amostra da população brasileira com essa patologia. Mais estudos são necessários para entender o papel desta variante nesta condição, sua relação com o processo de envelhecimento e os diversos quadros e desfechos clínicos relacionados à Covid-19.

**Palavras-chave:** Polimorfismo, Epidemiologia, Coronavírus, Transcriptase Reversa da Telomerase;

## ASSOCIAÇÃO DO POLIMORFISMO -174C/G (*rs1800795*) DO GENE *IL6* COM DESFECHOS CLÍNICOS DE PACIENTES HOSPITALIZADOS COM COVID-19

Danton Magri<sup>1</sup>; Manuela Nunes Drehmer<sup>1</sup>; Gabriel Vaisam Castro<sup>1</sup>; Daniele Delacanal Lazzari<sup>2</sup>; Yara Costa Netto Muniz<sup>1</sup>; Juliana Dal-Ri Lindenau<sup>1</sup> [magridanton@gmail.com](mailto:magridanton@gmail.com)

<sup>1</sup>Universidade Federal de Santa Catarina, Programa de Pós-Graduação em Biologia Celular e do Desenvolvimento, Laboratório de Polimorfismos Genéticos; <sup>2</sup>Universidade Federal de Santa Catarina; Departamento de Enfermagem

### RESUMO

A COVID-19 é uma infecção viral altamente transmissível causada por um coronavírus zoonótico, nomeado *severe acute respiratory syndrome coronavirus 2* (SARS-CoV-2). Cerca de 1/5 dos pacientes são acometidos por síndrome da angústia respiratória aguda, caracterizada pela infecção das células alveolares e instauração de um processo inflamatório, o que pode culminar em hospitalização. A Interleucina-6 (IL-6) é uma citocina pró-inflamatória, sintetizada a partir do gene *IL6* e o polimorfismo de nucleotídeo único (SNP) *rs1800795*, localizado na sua região promotora, tem sido objeto de estudo por ser capaz de modular os níveis plasmáticos de IL-6. Neste contexto, marcadores neste gene seriam promissores alvos para entender a fisiopatologia da COVID-19. O objetivo desse estudo foi avaliar se há associação entre o SNP mencionado e desfechos clínicos de pacientes hospitalizados com COVID-19. Foram recrutados 128 pacientes diagnosticados com a doença e admitidos no Hospital Universitário Professor Polydoro Ernani de São Thiago (HU-UFSC). Dados acerca dos desfechos clínicos foram coletados dos prontuários médicos. DNA genômico foi obtido a partir de amostras de sangue periférico utilizando o método de extração *salting-out*. A genotipagem do polimorfismo foi executada utilizando a reação em cadeia da polimerase em tempo real, por meio do ensaio *TaqMan*®, seguindo as diretrizes do fabricante. A avaliação da suscetibilidade foi realizada por meio de regressão de Poisson utilizando o software SPSS versão 25. Este estudo recebeu a aprovação do Comitê de Ética em Pesquisa com Seres Humanos da Universidade Federal de Santa Catarina (CEPSH-UFSC), sob o parecer número 4.164.291. A amostra estava em equilíbrio de Hardy-Weinberg para o *locus* analisado. Após agrupamento dos genótipos do SNP em \*C\_ vs \*GG, sete desfechos clínicos tiveram suas associações testadas: necessidade de ventilação mecânica, óbito por COVID-19, desenvolvimento de alterações neurológicas, internação em unidade de terapia intensiva (UTI), emergência de sepse, acometimento pulmonar e tromboembolismo. Desses, percebeu-se que indivíduos \*GG apresentaram maiores prevalências de ventilação mecânica [OR=1,308 (IC 1,009-1,695), p=0,042], em relação aos portadores do alelo \*C. Experimentos com células HeLa demonstraram que o alelo \*G seria o responsável por aumentar a expressão do gene *IL6*, contribuindo para o estado inflamatório do organismo e, sendo a IL-6 expressa nos alvéolos pulmonares, corroboram-se os resultados descritos. O SNP *rs1800795* vem apresentando resultados divergentes na literatura científica, tendo ambos os alelos reportados como associados e não associados à severidade da COVID-19, a depender da ancestralidade da amostra estudada. Este é o primeiro estudo a avaliar esta relação em uma amostra brasileira de ancestralidade predominantemente europeia. Tanto a associação do genótipo \*GG com a necessidade de ventilação mecânica, quanto a falta de associação do SNP com os demais desfechos mencionados, podem ser úteis na formulação de diretrizes clínicas visando otimizar a assistência terapêutica em pacientes brasileiros acometidos pela COVID-19.

**Palavras-chave:** Interleucina, Imunogenética, Estudo de Associação, Citocina, Prognóstico

## ASSOCIAÇÃO DO POLIMORFISMO DOS GENES *MUC5B* E *MMP7* COM OS DIFERENTES NÍVEIS DE GRAVIDADES CLÍNICAS EM PACIENTES COM COVID-19

Vivian Eunice Malaquias Nhamba<sup>1</sup>; Daniele Delacanal Lazzari<sup>2</sup>; Yara Costa Netto Muniz<sup>1</sup>; Juliana Dal-Ri Lindenau<sup>1</sup> [viviannhamba6@gmail.com](mailto:viviannhamba6@gmail.com)

<sup>1</sup> UFSC, Programa de Pós-Graduação em Biologia Celular e do Desenvolvimento, Laboratório de Polimorfismos Genéticos; <sup>2</sup>UFSC; Departamento de Enfermagem

### RESUMO

A pandemia da COVID-19, causada pelo vírus SARS-COV-2, iniciou em 2019 e durou até 05 de maio de 2023 com altas taxas de mortalidade e morbidade. A COVID-19 é uma importante doença respiratória, caracterizada por manifestações clínicas e sorológicas, como síndrome aguda do trato respiratório inferior e/ou superior, tosse, falta de ar ou hipóxia silenciosa e fibrose pulmonar, causada ou consequência de alterações no muco e dano epitelial. As diferentes manifestações ao longo da doença determinam os diferentes graus de gravidade e os mecanismos por trás dessas variações na suscetibilidade à infecção e gravidade da COVID-19 têm sido estudados. Uma provável influência dos fatores genéticos no percurso da doença têm sido identificada e com base nesses resultados foram selecionados dois polimorfismos cuja associação com COVID-19 e seus diferentes desfechos possam ser testadas. O primeiro é no gene *MUC5B* (rs35705950), que codifica a mucina 5B, principal componente do muco. E o segundo está no gene *MMP7* (rs11568818), que codifica a metaloproteinase 7, componente do epitélio pulmonar e descrita como biomarcador para a fibrose pulmonar. É sugerido que o polimorfismo do *MMP7* (rs11568818) aumenta a expressão da proteína e durante a infecção por SARS-COV-2 eleva a atividade fibroproliferativa de *MMP7*, desestabiliza a barreira epitelial do pulmão e deixa uma condição pré-fibrótica nos alvéolos após a infecção. A presença de mucina 5B foi identificada em pacientes com COVID-19 graves e portadores de polimorfismo de *MUC5B* (rs35705950) em que as autópsias do pulmão revelaram grandes quantidades de muco. Esses resultados têm destacado a possível associação desses polimorfismos nesses dois genes, *MUC5B* e *MMP7*, com o prognóstico da COVID-19. **Objetivo:** Avaliar a frequência dos polimorfismos rs35705950 (*MUC5B*) e rs11568818 (*MMP7*) e sua associação com os diferentes quadros clínicos de COVID-19. **Materiais e métodos:** A amostra é constituída de dois grupos de pacientes positivos de COVID-19 (144 pacientes graves, que necessitaram de internação e 120 pacientes considerados leves ou assintomáticos) diagnosticados por reação em cadeia de polimerase (PCR) ou testes sorológicos. Todos os participantes assinaram um Termo de Consentimento Livre e Esclarecido e esta pesquisa foi aprovada pelo Comitê de Ética em Pesquisa em Seres Humanos da UFSC (Parecer no 4.164.291). O DNA foi extraído através do método de *Salting Out*. Os polimorfismos rs35705950 (*MUC5B*) e rs11568818 (*MMP7*) serão genotipados por discriminação alélica no método de PCR em tempo real utilizando o sistema TaqMan e seguindo as recomendações do fabricante. Para as variáveis contínuas e categóricas, a associação será feita por meio de testes estatísticos específicos, como teste t não pareado ou o teste de Mann-Whitney, qui-quadrado e regressão logística. **Resultados esperados:** Estabelecer associação entre os polimorfismos dos genes *MUC5B* e *MMP7* e os diferentes níveis de gravidade em pacientes com COVID-19, e assim, obter resultados que auxiliam na definição destes genes como possíveis biomarcadores de prognóstico para a COVID-19.

**Palavras-chave:** SARS-COV-2, Biomarcadores, Associação Genética.

## ASSOCIAÇÃO GENÉTICA ENTRE VARIANTES NOS GENE DE INTERLEUCINAS COM A SUSCETIBILIDADE DA COVID-19

Manuela Nunes Drehmer<sup>1</sup>, Gabriel Vaisam Castro<sup>1</sup>, Daniele Delacanal Lazzari<sup>1,2</sup>, Luciano Santos Pinto Guimarães<sup>3</sup>, Vinicius de Albuquerque Sortica<sup>4</sup>, Yara Costa Netto Muniz<sup>1</sup>, Juliana Dal-Ri Lindenau<sup>1</sup> [manu\\_drehmer@hotmail.com](mailto:manu_drehmer@hotmail.com)

<sup>1</sup>Universidade Federal de Santa Catarina; <sup>2</sup>Hospital Universitário Polydoro Ernani de São Thiago; <sup>3</sup>Guimarães LSP Consultoria Científica LTDA; <sup>4</sup>Universidade Federal de Alagoas

### RESUMO

A pandemia de COVID-19 provocou uma crise na saúde, com considerável morbidade e mortalidade, e graves consequências econômicas. Uma das características da infecção por SARS-CoV-2 é apresentar um amplo espectro de manifestações clínicas. Sendo assim, os indivíduos infectados podem apresentar quadros clínicos que variam de casos assintomáticos e sintomas leves, até casos graves que eventualmente podem levar ao óbito. Esforços globais demonstraram que há uma série de fatores que contribuem com a heterogeneidade clínica e suscetibilidade à infecção por SARS-CoV-2, como a imunogenética do hospedeiro. Portanto, neste estudo analisamos a associação de variantes em genes de interleucinas com a suscetibilidade à COVID-19 em uma população de Santa Catarina. Foram incluídos no estudo um total de 308 indivíduos positivos para COVID-19: 171 indivíduos foram incluídos no grupo leve e 137 no grupo grave. Este trabalho foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa com Seres Humanos da UFSC sob parecer de número 4.164.291. Todos os indivíduos foram genotipados para os polimorfismos rs2069762 (*IL-2*), rs2070874 (*IL-4*), rs1800795 (*IL-6*), rs1800871 (*IL-10*), rs2275913 (*IL-17A*), rs763780 (*IL-17F*) e rs2227476 (*IL-22*) com sondas de hidrólise TaqMan® através do sistema de PCR em tempo real. Uma análise de regressão logística univariada avaliou associações entre os polimorfismos genéticos e COVID-19. Além disso, foram analisados dados epidemiológicos e clínicos. Os grupos foram comparados por qui-quadrado quando as variáveis eram categóricas. O valor de  $p < 0,05$  foi considerado significativo e foi utilizado o software SPSS. Como resultado das análises genéticas, a presença do alelo rs2275913-G (*IL-17A*) apresentou um valor próximo à significância ( $p = 0,052$ ) para maior risco de doença grave e rs2070874-C (*IL-4*) foi associado com maior gravidade da COVID-19 ( $p = 0,008$ ). Os sintomas mais relatados em indivíduos graves foram de dispnéia (81,8%), tosse (69,3%) e febre (68,6%), enquanto nos pacientes com quadros clínicos mais leves foram cansaço (67,3%), perda de olfato ou paladar (55,0%) e dor de cabeça (58,5%). Todas essas variáveis relacionadas aos sintomas diferiram estatisticamente entre os grupos com  $p < 0,001$ . Ao analisar a presença de comorbidades e outras condições de saúde, os indivíduos leves apresentaram algumas cardiopatias (30,4%) e taxas elevadas de colesterol ou triglicérides (18,1%), enquanto os pacientes graves também apresentaram mais cardiopatias (48,2%), e comorbidades como hipertensão (47,4%), obesidade (33,6%) e diabetes (27,0%). Todas as variáveis relacionadas a condições de saúde diferiram entre os grupos com  $p < 0,05$ . Nossos achados sugerem que polimorfismos nos genes da interleucina contribuem e podem ajudar a elucidar o componente genético da COVID-19 na população Brasileira. Os resultados clínicos se mostraram relevantes para uma melhor compreensão dos principais sintomas clínicos que acometem a população catarinense durante a COVID-19. Percebe-se que há diferença entre os sintomas e comorbidades preexistentes apresentados por indivíduos leves e graves. Em conjunto, dados genéticos e clínicos podem auxiliar na estratificação de indivíduos de alto risco, otimizando o tratamento e a tomada de decisão clínica, além da redução de complicações a longo prazo.

**Palavras-chave:** Citocinas, Polimorfismo, Epidemiologia, SARS-CoV-2.



## AValiação DO Comprimento DE Telômeros EM Pacientes Com Artrite Reumatoide Associada À Doença Pulmonar Intersticial

Giovana Bozelo<sup>1</sup>; Yara Costa Netto Muniz<sup>1</sup>; Alexandra Susana Latini<sup>2</sup>; Letícia Kawano Dourado<sup>3</sup>; Juliana Dal-Ri Lindenau<sup>1</sup> [giovanabozelo@gmail.com](mailto:giovanabozelo@gmail.com)

<sup>1</sup>LAPOGE, Universidade Federal de Santa Catarina. Centro de Ciências Biológicas. Programa de Pós-Graduação em Biologia Celular e do Desenvolvimento; <sup>2</sup>LABOX, Universidade Federal de Santa Catarina; <sup>3</sup>HCor, Associação Beneficente Síria

### RESUMO

A artrite reumatoide (AR) é uma das doenças inflamatórias crônicas mais prevalentes no mundo, estima-se que afete cerca de 0,3% a 1% da população global. A doença afeta principalmente as articulações, porém até metade dos pacientes com AR podem desenvolver a doença extra articular, com manifestações pulmonares entre as mais comuns. A doença pulmonar intersticial (DPI) afeta clinicamente até 10% dos pacientes com AR. A patogênese da DPI associada à AR (DPI-AR) é complexa e incompletamente compreendida, com vias inflamatórias e fibróticas desreguladas. Na maioria das células somáticas humanas ocorre o encurtamento de telômeros ao longo da vida. Os telômeros criticamente curtos desencadeiam a perda de viabilidade celular nos tecidos, que tem sido relacionada à alteração da função tecidual e à perda de capacidades regenerativas no envelhecimento e em doenças relacionadas. Portanto, o comprimento do telômero é considerado um biomarcador importante para diversas doenças. Também foi relatado que os telômeros estão intimamente associados à inflamação e imunidade adaptativa, sugerindo o potencial envolvimento na patogênese da AR. Poucos e inconsistentes são os estudos que verificaram o comprimento dos telômeros com relação ao desenvolvimento / prognóstico de pacientes que desenvolvem DPI-AR. Este trabalho faz parte de um projeto maior multicêntrico que irá caracterizar a progressão da DPI-AR (parecer número 4.683.162 e CAAE nº 21812419.9.1001.0060). O objetivo deste trabalho é verificar se o comprimento de telômeros pode afetar o desenvolvimento da doença (ou vice-versa). Serão analisados 100 pacientes com DPI-AR que serão acompanhados por 2 anos. O comprimento dos telômeros será medido no início do acompanhamento e será realizado com DNA genômico extraído de amostras de sangue periférico humano com abordagem de PCR quantitativa em tempo real. Este método usa o gene de cópia única da proteína ribossômica *Large PO (RPLPO)* como referência para cada amostra, e dois *primers* que irão se ligar aos telômeros. Diluições em série de DNA genômico são criadas para gerar uma curva de valor padrão para o ensaio. Como resultados esperados acredita-se que pessoas com DPI-AR mais grave ao final de dois anos serão aquelas que terão telômeros encurtados quando avaliado e esses dados servirão para definir o tamanho do telômero como um biomarcador para a doença, auxiliando posteriormente na identificação de pacientes que tenderão a desenvolver formas mais graves da doença e assim possibilitar um possível tratamento direcionado.

**Palavras-chave:** Doença autoimune, fibrose pulmonar, doença pulmonar, biomarcador

## CANINE AND FELINE MESENCHYMAL STROMAL CELLS DIFFER IN THEIR MORPHOLOGICAL FEATURES

Victor Juan de Souza Lima<sup>1</sup>; Monique Coelho Bion<sup>2</sup>; Andréa Gonçalves Trentin<sup>1,2,3</sup>  
[vjuan1509@gmail.com](mailto:vjuan1509@gmail.com)

<sup>1</sup>Federal University of Santa Catarina; <sup>2</sup>Federal University of Rio de Janeiro; <sup>3</sup>National Institute of Science and Technology in Regenerative Medicine.

### ABSTRACT

Mesenchymal stromal cells (MSCs) possess characteristic morphology, typically appearing fusiform/fibroblastoid in shape. However, similar to other cell types, when cultivated *in vitro*, MSCs can acquire a phenotype associated with replicative senescence. This phenotype is characterized, among other things, by cell cycle arrest, expression and secretion of factors associated with senescence, and morphological alterations, such as cellular hypertrophy. As MSCs have become the focus of clinical and pre-clinical research in veterinary cell therapy, it is essential to precisely understand the morphological changes related to their sources of origin and *in vitro* amplification. Given this context, the present study aimed to comparatively analyze the cellular morphology of MSCs derived from canine adipose tissue (cMSC) and feline adipose tissue (fMSC) during cell amplification. MSCs were isolated from subcutaneous adipose tissue of three canine and three feline donors who underwent elective surgeries (Protocol Number: 1852210519). The cells were maintained under standard culture conditions and were photographed using phase-contrast microscopy at passage 1 (P1), P3, P5, and P7. The area and cellular morphology of 50 cells from each donor were evaluated using ImageJ software. The results obtained demonstrated that both sources exhibited morphological alterations and hypertrophy with increasing passages. However, cMSCs and fMSCs differed in their cell size ( $p < 0.001$ ), with cMSCs having a larger area. These findings highlight the fundamental differences between cMSCs and fMSCs, contributing to a better understanding of the *in vitro* characteristics and behavior of these cells.

**Keywords:** regenerative medicine, *in vitro* amplification, cell morphology, species comparison.

## CÉLULAS ESTROMAIS MESENQUIMAIS: CIÊNCIA BÁSICA E APLICADA NA MEDICINA REGENERATIVA VETERINÁRIA

Victor Juan de Souza Lima<sup>1</sup>; Monique Coelho Bion<sup>1,2</sup>; Bianca Luise Teixeira<sup>3</sup>; Débora Cristina Olsson<sup>4</sup>; Aline Megumi Matsushita<sup>1</sup>; Eduardo Casa Clauberg<sup>1</sup>; Talita da Silva Jeremias<sup>1</sup>; Andréa Gonçalves Trentin<sup>1,2,5</sup> [vjuan1509@gmail.com](mailto:vjuan1509@gmail.com)

<sup>1</sup>Universidade Federal de Santa Catarina; <sup>2</sup>Universidade Federal do Rio de Janeiro; <sup>3</sup>BiomeHub Biotechnologies; <sup>4</sup>Instituto Federal Catarinense – Campus Concórdia; <sup>5</sup>Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia em Medicina Regenerativa.

### RESUMO

As Células Estromais Mesenquimais (CEM) possuem multipotencialidade, autorrenovação e podem ser encontradas em diversos tecidos adultos. Nas últimas décadas as CEM vêm se estabelecendo como uma das principais abordagens de terapia celular regenerativa devido, principalmente, às suas características imunomodulatórias, baixa imunogenicidade e fácil obtenção. Recentemente, na medicina veterinária, as CEM são visadas para o tratamento de diversas doenças de caráter degenerativo/inflamatório, essencialmente em caninos, felinos e equinos. Por conta do grande potencial que permeia a terapia com CEM na medicina regenerativa veterinária, surge a necessidade de se otimizar e avaliar: (1) os protocolos de isolamento, criopreservação e controle de qualidade de CEM; (2) os aspectos da biologia básica e monitoramento do comportamento *in vitro* das CEM; e (3) a segurança e a eficácia da terapia celular com CEM em diferentes modelos. Dito isso, o LACERT (Laboratório de Células-tronco e Regeneração Tecidual) desenvolveu o projeto de pesquisa e extensão intitulado “Aplicação terapêutica de células-tronco mesenquimais na medicina veterinária e estabelecimento de biobanco” (CEUA Nº 1852210519) que teve como objetivo investigar as propriedades regenerativas das CEM derivadas de tecido adiposo, fornecendo uma abordagem terapêutica alternativa para determinadas condições clínicas. As CEM foram isoladas, a partir de tecido adiposo subcutâneo coletado durante procedimentos cirúrgicos eletivos, caracterizadas e submetidas a diversas análises de parâmetros celulares relacionados ao controle de qualidade destas células. Além disso, o LACERT, em parceria com hospitais e médicos veterinários da região de Florianópolis, realizou o procedimento de terapia celular com CEM em animais de companhia com doenças e condições em que a aplicação das CEM era possível e embasada pela literatura. Ao todo, foram coletadas CEM de 41 cães, 17 gatos e 3 cavalos e, como resultado, o projeto estabeleceu um biobanco próprio de CEM de animais de companhia e propiciou o tratamento de 21 pacientes caninos e 6 pacientes felinos, totalizando 46 procedimentos de aplicação de CEM. Por fim, com os trabalhos de pesquisa desenvolvidos com as CEM obtidas neste projeto de extensão, o LACERT pôde contribuir para a área de pesquisa básica com células-tronco, compreendendo melhor o processo de senescência replicativa e a necessidade de otimização de protocolos de isolamento, cultivo e criopreservação de CEM, além de ter prestado um serviço à comunidade veterinária e aos tutores de animais de companhia de Florianópolis, através da obtenção das CEM e tratamento de animais com as mais diversas condições clínicas.

**Palavras-chave:** Regeneração Tecidual, Terapia Celular, Cultivo de células, Extensão universitária.

## COMO MOTIVAR O ESTUDO DA MORFOLOGIA UTILIZANDO PLANTAS SUCULENTAS?

Pereira, Fernanda de Souza<sup>1</sup>; Müller, Yara Maria Rauh<sup>2</sup>; Vitório, Maryana Morais<sup>3</sup>

[desofernanda@gmail.com](mailto:desofernanda@gmail.com)

<sup>1</sup>Escola de Educação Básica São Tarcísio

### RESUMO

No ensino da Botânica nas escolas, em especial do ensino da Morfologia Vegetal (MV), atividades realizadas em laboratório contribuem para o processo de ensino e aprendizagem, à medida que os alunos visualizam secções histológicas de células e tecidos vegetais. Este trabalho apresenta as atividades que foram desenvolvidas por uma bolsista de Iniciação Científica Júnior (ICJ), da 1º série do Novo Ensino Médio. A Escola de Educação Básica São Tarcísio, localizada no município de São Bonifácio/SC, possui uma coleção de plantas vivas, um jardim com várias espécies de suculentas, plantas de pequeno porte, que retêm bastante líquido em suas folhas, sendo de fácil cultivo. O Laboratório de Ciências da escola apresenta infraestrutura física e instrumental básica, que viabiliza o estudo de células e tecidos vegetais. Assim, atividades foram planejadas e desenvolvidas com o objetivo de estudar a MV de algumas espécies de plantas suculentas. A partir das leituras e exercícios sobre o histórico da microscopia de luz (MO), a bolsista de ICJ desenvolveu práticas de manuseio com o MO disponível no Laboratório de Ciências da escola. Para aprofundar os conhecimentos sobre MV, ela participou de uma oficina no Laboratório de Anatomia Vegetal (LAVeg), da Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC), onde recebeu treinamento sobre técnicas de confecção de secções histológicas de tecidos vegetais. Ademais, a bolsista também teve oportunidade de trabalhar com os corantes (i) Sudan III, utilizado para identificar a presença de lipídios; (ii) Lugol para a visualização de depósitos de amido; e (iii) Safrablau, para visualizar células que possuem paredes primárias e células que possuem paredes secundárias (lignificadas). Com a vivência proporcionada na oficina, a bolsista realizou secções histológicas de algumas espécies de plantas do Jardim das Suculentas da escola, sendo possível visualizar os tecidos vegetais e estruturas como os estômatos. A partir das ações desenvolvidas e dos conhecimentos adquiridos, o trabalho foi divulgado para a comunidade escolar através de vários *posts* informativos na página do Instagram do grupo de ICJ da Escola de Educação Básica São Tarcísio — ICJUNIOREEBST. As atividades teóricas e práticas realizadas com as plantas do Jardim das Suculentas, no laboratório da escola, motivaram os demais estudantes sobre os conteúdos da Morfologia Vegetal. Destaca-se também que o envolvimento da bolsista nas atividades desenvolvidas contribuíram para ampliação de seus conhecimentos, tornando-a mais autônoma em seu processo de aprendizagem. Com a orientação docente e com o desempenho da bolsista de ICJ, foi possível desenvolver um trabalho na escola que efetivamente contribua para que os alunos tenham mais interesse pelos conteúdos de botânica e se apropriem desse conhecimento de maneira agradável.

**Palavras-chave:** Educação Básica, Laboratório de Ciências, Microscópio óptico, Plantas suculentas.



## CULTIVO DA MACROALGA VERMELHA *HYPNEA MUSCIFORMIS* (GIGARTINALES, CYSTOCLONIACEAE) EM ÁGUA CONTAMINADA: ANÁLISE MORFOFISIOLÓGICA E POTENCIAL BIORREMEDIADOR

Felipe Moreira Custódio<sup>1</sup>; Alessandro Mateus Sloty<sup>1</sup>, Andressa França<sup>1</sup>, Yasmin Rodrigues Nascimento<sup>1</sup>, Zenilda Laurita Bouzon<sup>1</sup>; Luciane Cristina Ouriques<sup>1</sup> [custodio.felipem@gmail.com](mailto:custodio.felipem@gmail.com)

<sup>1</sup>Universidade Federal de Santa Catarina

### RESUMO

A rápida e desordenada urbanização em âmbito global constitui uma crescente preocupação em relação às condições ambientais, acelerando a introdução de numerosos poluentes que, em grandes quantidades, adquirem toxicidade para os ecossistemas aquáticos. Uma abordagem de mitigação promissora é a biorremediação, um processo que emprega organismos vivos, como as macroalgas, para a remoção ou redução de contaminantes ambientais. Assim o presente estudo teve por objetivo investigar possíveis alterações morfofisiológicas no cultivo de *H. musciformis* em águas contaminadas por nutrientes inorgânicos da Lagoa da Conceição e avaliar seu potencial para biorremediação. A escolha dos pontos de coleta baseou-se na análise de nutrientes de cinco locais distintos da lagoa, dos quais dois pontos, a Ponta das Almas e uma área próxima ao derramamento da CASAN, foram identificados como contaminados. Estes dois pontos foram considerados os tratados. Como água controle (ponto 1) foi utilizada uma água do mar filtrada e esterilizada localizada próximo à Barra da Lagoa e fornecida pelo Laboratório de Cultivo de macroalgas (LCA-UFSC). Para tanto, utilizou-se 3,0 gramas de massa fresca do talo de *H. musciformis*, cultivados em Erlenmeyer de 1000 ml, durante 7 dias nas respectivas águas: ponto 1, ponto 2 e ponto 3. Após o cultivo foram feitas análises de taxa de crescimento, morfologia externa do talo, pigmentos fotossintetizantes, remoção de nutrientes, análises com testes histoquímicos por meio de ML. Além disso, foram feitas análises ultraestruturais por meio do MET e que não estava previsto inicialmente no plano de atividades. A macroalga demonstrou maior eficiência de remoção de nitrogênio amoniacal total e nitrato. Por meio das observações, a taxa de crescimento não revelou diferenças significativas entre os tratamentos. Entretanto, as amostras ponto 1 com maior disponibilidade de nitrato apresentaram maior taxa de crescimento e morfologia externa do talo característico da espécie. Referente aos carotenoides e as ficobiliproteínas (aloficocianina e ficoeritrina), nestes não foram observadas diferenças significantes entre os pontos amostrais. Possivelmente não foram influenciadas de maneira significativa pela disponibilidade de nutrientes. Por outro lado, houve uma redução significativa na concentração de clorofila *a* e ficocianina nos pontos 2 e 3 com menor disponibilidade de nitrato. Além disso, observou-se aumento na quantidade de grãos de amido, espessamento da parede celular e um maior número de plastoglóbulos dos cloroplastos, nas amostras dos pontos 2 e 3. Deste modo, podemos sugerir que a espécie *H. musciformis* pode ser considerada biorremediadora principalmente ao nitrogênio amoniacal total e nitrato.

**Palavras-chave:** *Hypnea musciformis*, Biorremediação, Pigmentos Fotossintetizantes; Ultraestrutura.

## DESVENDANDO OS MISTÉRIOS DA MODULAÇÃO EPIGENÉTICA

Leili Daiane Hausmann<sup>1</sup> [leilihh@gmail.com](mailto:leilihh@gmail.com)

<sup>1</sup>Universidade Federal de Santa Catarina

### RESUMO

O saber científico emerge das atividades científicas, englobando experimentação e coleta sistemática de dados, com o propósito de apresentar, por meio de argumentação, resoluções para questões específicas. O saber científico desempenha um papel fundamental em questões de saúde, meio ambiente e tecnologia. Quando a confiança na ciência é desgastada a capacidade de abordar desafios globais e locais é comprometida. Como professora de biologia do ensino médio, diariamente me deparo com perguntas sobre temas da ciência que estão sendo difundidos pelos diversos meios de comunicação. Certo dia uma “influenciadora digital” fala para milhares de pessoas o seguinte: “Eu fiz modulação epigenética antes de engravidar. Muita gente não sabe o que é, então vou fazer uma explicação leve. É quando você e seu marido mudam a alimentação antes da gravidez para zerar a genética de doenças” ... “Câncer, diabetes... qualquer doença genética vem zerada. Aí o seu filho nasce sem nenhum gene ruim de doenças. ... São seis meses com essa alimentação. É muito maravilhoso”. Ao ver isso pensei: “O cientista/ professor não tem um dia de #paz”. Apenas seis meses de sacrifícios e os benefícios do seu filho não ter nenhuma doença genética? Como trabalhar essa complexa temática com os alunos do ensino médio? Propõe-se um projeto de ensino para trabalhar a temática com o título “Desvendando os mistérios da modulação epigenética”. O projeto será dividido em algumas etapas e terá a duração de 4 semanas. Os objetivos do projeto são: (i) introduzir os conceitos gerais da epigenética; (ii) explorar como fatores ambientais, como dieta, estresse e exposição a toxinas, podem afetar a expressão gênica; (iii) compreender as implicações das modificações epigenéticas na saúde humana; e (iv) herança epigenética. Na primeira etapa os alunos serão orientados a pesquisar notícias com o termo “Epigenética”. Em um segundo momento faremos uma construção de conhecimentos básicos sobre Epigenética e seus mecanismos. Em um terceiro momento aprofundaremos os conceitos relacionados as doenças complexas, a epigenética e a doenças humanas e aos fatores ambientais modificáveis durante todo o desenvolvimento. Em um quarto momento os alunos produzirão materiais de divulgação científica baseados em achados científicos que serão expostos na escola. O quinto momento destina-se a exposição para a comunidade escolar dos materiais produzidos. Espera-se que, por meio deste trabalho, os alunos possam adquirir um entendimento sólido sobre epigenética e, mais do que isso, se tornem verdadeiros multiplicadores desse conhecimento. À medida que absorvem os conceitos e as descobertas nesse campo empolgante da biologia, eles têm a oportunidade não apenas de enriquecer suas próprias vidas, mas também de compartilhar esse conhecimento com seus colegas, amigos e familiares.

**Palavras-chave:** Ciência, Ensino, Epigenética, Doenças genéticas.

## DOES PYRIPROXYFEN INDUCE ULTRASTRUCTURAL DAMAGE IN NEURAL CELLS?

Maico Roberto Luckmann<sup>1</sup>; Méllanie Amanda Silva Ferreira<sup>1</sup>; Evelise Maria Nazari<sup>1</sup>

[maicorobertoluckmann@gmail.com](mailto:maicorobertoluckmann@gmail.com)

<sup>1</sup> Programa de Pós-Graduação em Biologia Celular e do Desenvolvimento, Laboratório de Reprodução e Desenvolvimento Animal, Universidade Federal de Santa Catarina.

### ABSTRACT

The evaluation of cellular ultrastructure plays a vital role in comprehending and clarifying the impact of chemical agents on embryonic development. Among these agents, the larvicide pyriproxyfen (PPF) has been associated with neural cell damage in developing organisms. However, the effects on cellular ultrastructure are poorly understood. Thus, the aim of this study was to investigate the influence of PPF on the ultrastructural organization of neural cells in the forebrain, using chicken embryos as an experimental model. The fertilized eggs were incubated at 37.5°C and after one day (E1), through an opening in the egg, the embryos were exposed to two concentrations of PPF: 0.01 and 10 mg/L. Control embryos (0.00 mg/L) were exposed to vehicle solution with DMSO diluted in saline. The analyses were performed 10 days (E10) after incubation (UFSC Ethics Committee - n° 5843231018). For the ultrastructure, the embryonic brains were fixed in 2.5% glutaraldehyde + 4% paraformaldehyde + 0.1M sodium cacodylate and processed for analysis of the micrographs performed in transmission and scanning electron microscopy. A reduction in the number of cilia and microvilli of ependymal cells was observed in the forebrain of the groups exposed to PPF. The total area of all cilia and microvilli of ependymal cells decreased in the groups exposed to 0.01 mg/L PPF ( $36430 \mu\text{m}^2 \pm 2401$ ;  $p < 0.01$ ), 10 mg/L PPF ( $26582 \mu\text{m}^2 \pm 6159$ ;  $p < 0.001$ ) compared to control ( $57342 \mu\text{m}^2 \pm 2702$ ). The frequency of alterations in each subcellular compartment of neural cells (ependymal, glial, neuronal) increased in the 0.01 mg/L PPF (47%) and 10mg/L PPF (56%), when compared to the control. The subcellular changes observed were plasma membrane dilation and rupture, as well as cytoplasmic vacuolation, dilation of the mitochondrial membrane and also loss of mitochondrial cristae, dilatation in the perinuclear space, and dilatation of the Golgi and ER cisterns. These results demonstrate that exposure to PPF was able to promote damage to several subcellular components of forebrain neural cells. These data contribute to the understanding of the cellular toxicity of PPF during brain development.

**Keywords:** Larvicide, Neurotoxicity, Forebrain, Subcellular components, Cell damage.

## EFEITO DA EXPANSÃO *IN VITRO* E CARACTERIZAÇÃO DO PERFIL SENESCENTE DE CÉLULAS TRONCO ESTROMAIS MESENQUIMAIS DERIVADAS DE TECIDO ADIPOSEO

Thaís Helena Machado<sup>1</sup>; Karynne Nazaré Lins de Britor<sup>1</sup>; Andréa Gonçalves Trentin<sup>1</sup>  
[thais.heelena73@gmail.com](mailto:thais.heelena73@gmail.com)

<sup>1</sup>Universidade Federal de Santa Catarina

### RESUMO

As células estromais mesenquimais (MSCs) são amplamente utilizadas na terapia celular, mas o sucesso da sua utilização está atrelado à necessidade da expansão da cultura para obtenção da quantidade viável de células para aplicação. O processo de expansão pode levar à senescência celular, caracterizada pela parada no ciclo celular, acúmulo de danos genéticos e alterações epigenéticas, além de alterações morfológicas. Mas, existem outros fatores intrínsecos ao paciente, que também podem afetar e desencadear todo esse processo senescente. Desta forma, o objetivo deste trabalho foi analisar os perfis mesenquimal e senescente de MSCs derivadas do tecido adiposo humano durante baixa passagem. MSCs derivadas do tecido adiposo em P4 foram avaliadas quanto a sua morfologia, stemness (capacidades de proliferação, capacidade de diferenciação, e marcadores de superfície), assim como seu perfil senescente (marcação de  $\beta$ -galactosidase, danos de DNA, expressão de proteínas reguladoras de ciclo celular). Corroborando os critérios mínimos de classificação de MSC, as células isoladas do tecido adiposo se mostraram aderentes ao plástico, com morfologia fibroblastóide, positivas para os marcadores de mesenquimais CD73, CD90 e CD105 e capazes de se diferenciar em fenótipos adipocítico e osteocítico. Em relação a capacidade proliferativa, as MSC apresentaram capacidade de formação de colônia e um aumento progressivo na quantidade de células ao longo dos 4 primeiros dias da curva de proliferação, com um decaimento após 120 h de cultivo. Em relação a análise de marcadores de senescência, as MSC, apesar de estarem em P4, apresentaram 23% de marcação para proteína  $\gamma$ H2AX, um marcador de dano de DNA, e poucas células positivas para o marcador  $\beta$ -galactosidase. Em relação à expressão de proteínas que regulam o ciclo celular, as MSC apresentam expressão de P16, p21 e p53. Desta forma, podemos concluir que as células isoladas apresentaram características de MSC e que, apesar de estarem em passagem baixa, apresentaram-se positivas para marcadores de senescência, como a maior expressão de  $\gamma$ H2AX e a expressão de proteínas reguladoras do ciclo celular, mas apresentaram uma baixa marcação de  $\beta$ -galactosidase, o que é considerado um marcador clássico de senescência. Isso mostra que a entrada na senescência pode estar associada a outros fatores que não o processo de replicação celular, como a idade dos doadores, o que mostra a necessidade da utilização de diferentes métodos de identificação de senescência, a fim de se avaliar de forma mais eficácia e segurança as MSC para um futuro uso terapêutico.

**Palavras-chave:** Células-tronco mesenquimais, Cultivo celular, Senescência, Envelhecimento celular.



## EFEITO DE EXTRATOS CANÁBICOS FULL SPECTRUM SOBRE A VIABILIDADE CELULAR DE LINHAGENS GLIOBLASTOMA MULTIFORME (GBM)

Cláudia Beatriz Nedel Mendes de Aguiar<sup>1</sup>; Mariana Fernandes Jorge<sup>1</sup>; João Victor Krüger<sup>1</sup>  
[claudianedel@gmail.com](mailto:claudianedel@gmail.com)

<sup>1</sup> Universidade Federal de Santa Catarina

### RESUMO

O sistema endocanabinóide se encontra alterado nos processos neoplásicos, atuando de forma direta através da expressão de receptores, e indireta através da modulação do sistema imunológico e angiogênese. O uso dos canabinóides no tratamento sintomático de pacientes oncológicos já é uma realidade, porém sua ação antitumoral vem sendo demonstrada em diferentes tipos celulares. Como a maior concentração de receptores canabinóides naturalmente expressos pelo organismo, está no sistema nervoso central (SNC), espera-se boa resposta contra neoplasias primárias deste sistema. Assim, o objetivo deste trabalho é demonstrar a eficácia sobre a viabilidade celular de extratos canábicos sobre uma linhagem de glioblastoma multiforme (GBM1). Para isso, foi realizado o ensaio de redução do MTT ((3-(4,5-Dimetiltiazol-2-il)-2,5-Difeniltetrazol brometo), nas células GBM1 dispostas em placas de 96 poços, em três análises em triplicata, para cada um dos quatro extratos (E1; E2; E3; e E4). Dois grupos controles (CM e CD) e seis concentrações diferentes foram utilizadas para tratar os poços. Com espectrofotômetro em comprimento de onda de 540 nm, chegou-se a absorbância. Analisados estatisticamente pelo GraphPad (GraphPad Software Inc®, La Jolla, CA) ANOVA com variância unidirecional, seguida teste de Bonferroni ( $p < 0,05$ ) para comparar os grupos entre si. De forma geral todos os quatro extratos canábicos induziram morte celular, significativo em todos os tratamentos em relação aos grupos controles. No entanto, E1 foi o único extrato com curva adequada, com diferença estatística não só quanto ao grupo controle, como entre os grupos, sendo a concentração de 2,5  $\mu\text{g}/\mu\text{l}$ , a única que não difere de nenhum dos grupos. Os extratos E2, E3, e E4 não diferiram entre si, apenas do controle, com alta taxas de morte celular, o que sugere a necessidade de novos ensaios com diluições menos concentradas. Há grande similaridade entre os componentes fitocanabinóides do extrato E1 e E2, ambos com alto teor de canabidiol (CBD), no entanto, as doses utilizadas de E2 são menores do que E1. Isso pode ser justificado pelo efeito sinérgico dos constituintes da planta, e sugere que extratos *full spectrum* com altos níveis de CBD tenham melhor resposta do que os demais. O valor de  $\text{IC}_{50}$  alcançado com os resultados do extrato E1, indicam 4  $\mu\text{g}/\mu\text{l}$  como dose ideal. Os dados parciais sugerem que extratos canabinóides *full spectrum* tenham ação antitumoral, com necessidade de estudos futuros que auxiliem na compreensão dos mecanismos moleculares envolvidos e assim reforcem a associação da terapia canábica ao tratamento do GBM.

**Palavras-chave:** Glioma, morte celular, cannabis, câncer.

## EFEITOS DE HERBICIDAS DO CULTIVO DE ARROZ NO DESENVOLVIMENTO DE GIRINOS DE RÃ-TOURO (*Aquarana catesbeiana*)

Aline Warsneski<sup>1</sup>; Evelise Maria Nazari<sup>2</sup>; Eduardo Alves de Almeida<sup>3</sup>. [alnewkw@gmail.com](mailto:alnewkw@gmail.com)

<sup>1</sup>Universidade Federal de Santa Catarina; <sup>2</sup>Universidade Regional de Blumenau.

### RESUMO

A região Sul do Brasil se destaca na agricultura com a rizicultura gerando bons rendimentos do grão para a economia. O estado de Santa Catarina é o segundo maior produtor de arroz do país por meio do plantio pelo sistema irrigado, que proporciona uma maior produtividade, mas é responsável pela contaminação do ambiente, principalmente devido ao uso inadequado de agrotóxicos, que podem ocasionar efeitos drásticos em espécies não alvo, afetando a biodiversidade. Neste contexto, o presente projeto tem como objetivo avaliar o grau de contaminação de ambientes aquáticos próximos a áreas de rizicultura da mesorregião norte de Santa Catarina por herbicidas, e estudar os eventuais efeitos metabólicos, histológicos e moleculares desses compostos em uma espécie girino de anuro que se encontra presente na região, *Aquarana catesbeiana*. Amostras de água de diferentes pontos de um rio e canais de drenagem dos arrozais de Massaranduba foram coletadas e analisadas, revelando a ocorrência dos herbicidas bentazona, fenoxaprope-p-etílico, imazapique, quinclorac e penoxsulam. Com base nesses dados será realizado o experimento de exposição dos girinos de *A. catesbeiana* aos herbicidas, sendo utilizados 15 aquários por grupo experimental contendo 2 animais por aquário, totalizando 5 grupos experimentais: grupo controle, grupo exposto à bentazona na menor e maior concentração, grupo exposto ao mix dos herbicidas na menor e maior concentração e ao término de 16, 32 e 48 dias de exposição, os animais de cinco aquários (n=5) de cada grupo serão retirados dos aquários e anestesiados em solução contendo 0,4 g/L de benzocaína para seguir com os procedimentos de análises para se verificar possíveis dados no desenvolvimento desses animais. Sendo assim, o projeto contribuirá para trazer dados e evidências sobre os efeitos ecotoxicológicos que os herbicidas encontrados em área de rizicultura do norte de Santa Catarina, em concentrações ambientalmente realísticas, podem causar aos girinos, eventualmente vindo a comprometer seu crescimento, desenvolvimento e sobrevivência.

**Palavras-chaves:** Anfíbios, Herbicidas, Rizicultura, Ecotoxicologia.

## EFEITOS DO EXCESSO DE COBRE NA BIOGÊNESE MITOCONDRIAL EM CÉLULAS DAS LINHAGENS C6 E U-87 MG

Giovanna Romio Tassinari<sup>1</sup>; Lara Stoeberl<sup>1</sup>; Viviane Glaser<sup>1</sup>. [gitassinari.contato@gmail.com](mailto:gitassinari.contato@gmail.com)

<sup>1</sup> Programa de Pós-graduação em Biologia Celular e do Desenvolvimento, Universidade Federal de Santa Catarina

### RESUMO

O cobre (Cu) é um elemento essencial para as funções celulares, mas níveis elevados de Cu podem desencadear reações que contribuem para o aumento do estresse oxidativo. A principal organela que compartimentaliza o cobre é a mitocôndria, e a biogênese desta organela ocorre através da duplicação do DNA mitocondrial e da síntese de proteínas codificadas tanto pelo genoma nuclear como pelo mitocondrial. Neste sentido, o PGC-1 $\alpha$  (Coativador 1- $\alpha$  do receptor gama ativado por proliferador de peroxissomo) interage com o DNA nuclear atuando na ativação de fatores que regulam a expressão de TFAM (fator A de transcrição mitocondrial), envolvido na replicação do DNA mitocondrial e na expressão de genes mitocondriais. Em conjunto, essas proteínas desempenham papéis essenciais na regulação da biogênese mitocondrial e devido a isso, a mitocôndria tem sido alvo principal de estudos relacionados ao excesso de cobre e estresse oxidativo. Desta forma, o objetivo deste trabalho foi analisar a expressão das proteínas envolvidas na biogênese mitocondrial em células das linhagens C6 e U-87 MG expostas durante 24h a 600  $\mu$ M de CuSO<sub>4</sub>. A metodologia compreendeu a análise por RT-PCR em tempo real da expressão das proteínas TFAM e PGC1- $\alpha$ . Os resultados demonstraram um aumento do conteúdo relativo de mRNA da proteína TFAM em células U-87 MG expostas durante 24 horas ao CuSO<sub>4</sub> na concentração de 600  $\mu$ M, enquanto que nas células C6 observou-se um aumento no conteúdo relativo do mRNA de PGC1- $\alpha$ . O aumento do conteúdo de mRNA de TFAM e PGC1- $\alpha$  ocasionado pelo excesso de Cu pode indicar que há um microambiente favorável à biogênese mitocondrial, e as células expostas ao metal apresentam adaptações relacionadas à estes mecanismos. Assim, estes resultados podem indicar uma possível readaptação do metabolismo energético frente às concentrações elevadas de cobre na célula, mas maiores investigações devem ser feitas a fim de esclarecer os mecanismos envolvidos neste processo em resposta ao excesso desse metal.

**Palavras-chave:** Cobre, Mitocôndria, PGC1- $\alpha$ , TFAM.

## EVALUATION OF REPLICATIVE SENEESCENCE OF FELINE ADIPOSE TISSUE-DERIVED MESENCHYMAL STROMAL CELLS DURING IN VITRO AMPLIFICATION

Monique Coelho Bion<sup>1,2</sup>; Victor Juan de Souza Lima<sup>2</sup>; Andrea Gonçalves Trentin<sup>1,2</sup>  
[moniquebion1996@gmail.com](mailto:moniquebion1996@gmail.com)

<sup>1</sup>Federal University of Rio de Janeiro; <sup>2</sup>Federal University of Santa Catarina

### ABSTRACT

Mesenchymal stem cells (MSCs) hold substantial promise for advancing veterinary regenerative medicine therapies. Therefore, ensuring optimal protocols for MSC culture and quality control is critical. Typically, MSCs are expanded before their clinical application to generate the high number of cells needed for cellular therapy transplantation. Despite their high proliferation capacity, in vitro amplification can lead to replicative senescence, impacting MSCs' regenerative properties and therapeutic safety. This study aimed to examine the consequences of in vitro amplification on feline adipose tissue-derived MSCs (fAD-MSCs). fAD-MSCs were isolated from the subcutaneous adipose tissue of three felines, following the Animal Ethics Committee of Santa Catarina Federal University, Brazil (protocol number 1852210519). Standardized culture conditions were employed for MSC culture and expansion. The MSC characterization was evaluated by flow cytometry and osteogenic and adipogenic differentiation assay. The impact of in vitro amplification was assessed through sequential passages (P1-P7). Cumulative population doubling level (CPDL), cell doubling time (CDT), colony-forming efficiency, and senescence-associated  $\beta$ -galactosidase ( $\beta$ -gal) activity were measured. Additionally, cell cycle profiles were analyzed, and nuclear alterations were investigated using the cytokinesis-block micronucleus (CBMN) assay. During in vitro amplification, fAD-MSCs transitioned from a spindle-shaped to hypertrophic morphology at passage 4 (P4). Proliferation and colony-forming efficiency declined significantly beyond P6 and P4, respectively. The proportion of cells exhibiting  $\beta$ -gal increased from P5 onward. A rising trend of cells arrested in the G0/G1 cell cycle phase, accompanied by elevated apoptotic cells. CBMN assay revealed increased nuclear alterations, including nuclear bridges and nuclear buds. The study underscores the effects of in vitro amplification on fAD-MSC characteristics and properties, revealing changes associated with senescent phenotype. Therefore, utilizing fAD-MSCs before P5 is suggested to enhance MSCs' therapeutic suitability in feline clinical applications.

**Keywords:** Adipose tissue-derived mesenchymal stromal cells, replicative senescence, in vitro amplification, veterinary medicine



## EVALUATION OF SYSTEMIC TOXICITY AND REPRODUCTIVE HEALTH OF FEMALE MICE EXPOSED TO ROSUVASTATIN DURING ADULT LIFE

Amanda Rebonatto Oltramari<sup>1</sup>; Andressa Cristina Franca<sup>1</sup>; Alice Santos Da Silva<sup>1</sup>; Gabriel Adan Araujo Leite <sup>1</sup>; [oltramari.amanda@gmail.com](mailto:oltramari.amanda@gmail.com)

<sup>1</sup>Universidade Federal de Santa Catarina;

### ABSTRACT

Statins are pharmaceutical agents used to treat lipid disorders, particularly hypercholesterolemia, by reducing cholesterol levels through the inhibition of the enzyme HMG-CoA reductase, thereby preventing the conversion of HMG-CoA into mevalonate and resulting in reduced cholesterol levels and isoprenoid formation. However, various side effects of statin exposure have been described and almost half of the population undergoing this therapy consists of women. Among statins, rosuvastatin is one of the most effective hypolipidemic agents available in the market, even at lower doses. It is known that few studies assessed the reproductive effects of statin exposure in females, which are focused on pre-pubertal exposure. This study aimed to analyze the presence of systemic and reproductive toxicity in females exposed to statins. Female mice were divided into three groups, which received oral treatment with either saline solution (control) or rosuvastatin at the doses of 1.5 mg/kg or 5.5 mg/kg for 30 days. During this period, the body weight gain of the females was monitored. By the end of treatment, animals were euthanized through isoflurane inhalation followed by cervical dislocation, in accordance with CONCEA guidelines. Subsequently, reproductive organs such as ovaries, oviducts, and the uterus, as well as organs of toxicological relevance including kidneys, adrenals, liver, thyroid, brain, and pituitary, were collected and weighed using an analytical balance. Female mice exhibited no significant changes concerning the body weight gain and relative organ masses among the groups. A significant increase in oviduct absolute mass was observed in the group exposed to the higher dose of rosuvastatin when compared to the other groups. This result may indicate a possible toxic effect on the oviduct; thus, we suppose that statin may impair the structure of the organ. Then, further studies such as estrous cycle evaluation, histology of reproductive organs, and reproductive performance will be performed to fully elucidate the effects of rosuvastatin on female reproduction.

**Keywords:** Statin, Female reproduction, Mice, Toxicity

## EXTRAEMBRYONIC VESSELS AS A MODEL TO INVESTIGATE DEVELOPMENTAL EXPOSURE TO METHYLMERCURY

Nathália Ronconi Zilli Krüger<sup>1</sup>; Evelise Maria Nazari<sup>1</sup> [nathaliarzk@gmail.com](mailto:nathaliarzk@gmail.com)

<sup>1</sup>Universidade Federal de Santa Catarina

### ABSTRACT

The evaluation of the vascular growth process is important to verify the effect of different chemical agents on embryonic development. Extraembryonic blood vessels are the first microenvironment to come into contact with methylmercury (MeHg); which supports the hypothesis that extraembryonic vessel formation is the target of exposure to MeHg. Thus, this study aimed to investigate the effect of a single dose of MeHg on the content of proteins related to the growth and adhesion of cells in extraembryonic vessels. Fertilized eggs were incubated at 37.5°C ( $\pm 0.5$ ) and 65% humidity. Embryos were exposed *in ovo* to 0.1  $\mu\text{g MeHg}/50 \mu\text{L}$  saline solution after 1.5 embryonic days (E1.5) and analyzed on the 10<sup>th</sup> embryonic day (E10) (n = 15). Control embryos were exposed exclusively to 50  $\mu\text{L}$  of saline solution (n = 15) (Ethics Committee of the Federal University of Santa Catarina, CEUA – protocol number 5843231018). Extraembryonic vessels from embryos exposed to MeHg had significantly lower VEGF content ( $19 \pm 0.65$  positive cells;  $p < 0.05$ ) compared to control ( $20$  positive cells  $\pm 0.70$ ). Furthermore, VCAM content was significantly higher in extraembryonic vessels from embryos exposed to MeHg ( $11 \pm 0.40$  positive cells;  $p < 0.05$ ) compared to control ( $10 \pm 0.45$  positive cells). The reduction of VEGF-positive cells and the increase of VCAM-positive cells in extraembryonic vessels exposed to MeHg represent an imbalance between these two proteins. This MeHg-induced imbalance demonstrates the possible adaptive roles of VEGF to regulate vessel size and VCAM to maintain vascular lumen. These changes appear to be an effort to sustain blood flow, nutrient transport, and especially oxygen to the developing embryo. Considering that extraembryonic vessels are the environment that has immediate contact with external substances, alterations in these vessels are pointed out here as the first strong indicator of MeHg toxicity in the formation of the first blood vessels.

**Keywords:** Embryotoxicity, Vasculogenesis, Angiogenesis, MeHg.

## GENÔMICA ESTRUTURAL DA JABUTICABEIRA (*PLINIA TRUNCIFLORA*) UTILIZANDO O SOFTWARE CANU PARA ASSEMBLING

Ingrid Lohani Degering Brand<sup>1</sup>; Yohan Fritshe<sup>1</sup>; Suelen Martinez Guterres<sup>1</sup>; Ana Kelly de Sousa Silva<sup>1</sup>; Thiago Sanches Ornellas<sup>1</sup>; Valdir Marcos Stefenon<sup>1</sup> [ingrid.brand@hotmail.com](mailto:ingrid.brand@hotmail.com)

<sup>1</sup> Universidade Federal de Santa Catarina

### RESUMO

A jabuticaba (*Plinia trunciflora* (O. Berg) Kausel) é uma fruta de alto valor nutricional e pode ser considerada um símbolo da diversidade brasileira por ser altamente cultivada e valorizada. Além de seu sabor distinto, a planta possui uso tradicional associado, com potencial medicinal e nutracêutico devido a sua ação antioxidante, anti-inflamatória e citoprotetiva. Apesar disso, há pouco estudo sobre genética da espécie, como o sequenciamento do genoma, que pode contribuir para a identificação de genes de interesse, melhoramento e conservação desse recurso genético nativo. Nessa perspectiva, o presente estudo realizou o sequenciamento de genoma total da espécie utilizando a plataforma Oxford Nanopore Technologies e avaliou sua montagem obtida através do software Canu, visando suprir este *gap* de informações na área de genômica. Para isso, o DNA foi extraído de folhas jovens de um único indivíduo da espécie; após, a pureza e quantidade de DNA foram avaliados através de espectrofotômetro NanoDrop e Qubit. A biblioteca genômica foi preparada segundo protocolo de sequenciamento Nanopore e inserida em sequenciador MinION, utilizando-se quatro corridas de sequenciamento para garantir a ampla cobertura do genoma da espécie. O *basecalling* e o *trimming* foram realizados no software Guppy. O genoma foi então montado (*assembling*) utilizando o software Canu e a qualidade da montagem foi avaliada com o software Quast, ambos disponíveis na plataforma online Galaxy. A avaliação levou em consideração: número de *contigs*, tamanho do fragmento (N50), conteúdo GC, comprimento total do genoma e cobertura da montagem. O sequenciamento gerou cerca de 22 Gigabases, com 11 milhões de reads. A montagem gerou 5.434 *contigs*, N50 = 214.444, conteúdo GC de 40,53%, cobertura de 99,62% e o comprimento total do genoma atingiu 597.850.668 pares de base. Estes resultados demonstram que o genoma montado possui qualidade e boa cobertura. As próximas etapas do estudo compreenderão a limpeza do sequenciamento, anotação dos genes e caracterização de rotas metabólicas, visando a prospecção de genes de interesse agrônomico, medicinal e nutracêutico dessa espécie tão importante para a flora nativa do Brasil.

**Palavras-chave:** Biotecnologia, jabuticaba, Myrtaceae, NGS, sequenciamento.

## IDENTIFICATION OF GENES ASSOCIATES WITH THE BIOTRANSFORMATION PROCESS IN SEABIRDS

Márcia Eduarda Geraldo<sup>1</sup>; Afonso Celso Dias Bainy<sup>1</sup>; Guilherme Toledo-Silva<sup>1</sup>

[marcia.edugeraldo@gmail.com](mailto:marcia.edugeraldo@gmail.com)

<sup>1</sup>Federal University of Santa Catarina.

### ABSTRACT

With the increasing industrialization and the growth of human activities, the disposal of domestic, industrial, and agricultural waste into aquatic environments has expanded in recent years. These events result in the contamination of these environments and have a negative impact on the health of organisms living in these locations. The biotransformation of xenobiotics, an important process in the response of these organisms to exposure to foreign chemicals, triggers a series of complex metabolic events. Omics sciences encompass various subfields responsible for analyzing biological data, such as genomics and transcriptomics, for example. When omics is combined with ecotoxicology, it gives rise to ecotoxicogenomics, and its research focuses on the gene expression of non-target species exposed to contaminants, elucidating some of the biological processes associated with physiological responses to contamination. With the need to understand these biological responses in non-target species and the search for molecular biomarkers of contamination exposure, the present study aims to assemble the transcriptome *de novo* and annotate the transcripts of two species of seabirds. For these analyses, the hepatic tissue of these birds was obtained through the Projeto de Monitoramento de Praias da Baía de Santos (PMP-BS, in English “Santos Basin Beach Monitoring Project”), which was later sequenced using the Illumina HiSeq 2500 platform. Assembly was performed using the Trinity program (v.2.13.2), and subsequent quality analyses were applied to verify the quality of the transcriptome of these animals. The assembled sequences were subjected to the search for open reading frame (ORF) and coding sequence (CDS) regions using the TransDecoder program annotated using the BLAST+ tool (v.2.13.0), utilizing the UniProt/SwissProt database. Enrichment analyses were conducted to better understand the physiological responses of these animals, and we obtained results from the clusterProfiler package (v3.7) in the R software. Some of the results obtained indicate the expression of genes associated with xenobiotic metabolism, such as certain genes from the CYP and Glutathione-S-Transferase families. When performing genetic ontology analyses, a range of biological processes were found, such as transferase activity and the enrichment of the endomembrane system. In the KEGG metabolic pathway analyses, the presence of some common pathways between the species was found, such as necroptosis, apoptosis, glycolysis, and gluconeogenesis. Further information is still being investigated, seeking genes that may serve as indicators of contamination or provide new findings regarding these animals and the environments in which they live.

**Keywords:** Ecotoxicogenomic, Transcriptome, Biomarker.

## IMPACT OF MEHG ON HEPATIC BLOOD VESSELS DURING EMBRYONIC DEVELOPMENT

Paulo Goulart<sup>1</sup>; Nathália Ronconi Zilli Krüger<sup>1</sup>; Evelise Maria Nazari<sup>1</sup> [paulogoulart@gmail.com](mailto:paulogoulart@gmail.com)

<sup>1</sup>Universidade Federal de Santa Catarina

### ABSTRACT

The embryonic liver has the hematopoietic function, through the differentiation of mesodermal cells to originate blood vessels, with the generation of new endothelial and blood cells. When embryos are exposed to the most toxic organic form of mercury, methylmercury (MeHg), this metal can affect development. Therefore, we hypothesize that MeHg impairs hepatic blood vessel formation. Then, the aim of this study was to evaluate the effects of MeHg on the morphometry of hepatic blood vessels, using *chicken* embryos as an experimental model. For this, fertilized eggs were incubated and exposed to MeHg after 33 hours of incubation, i.e., embryonic day E1.5. Embryos were divided into two groups: group exposed with 0.1 µg MeHg in 50 µL of saline solution and control group exposed exclusively with 50 µL of saline solution (Ethics Committee of the Federal University of Santa Catarina, CEUA – protocol number 5843231018). For the morphometric analysis, the liver of embryos exposed up to E10 was dissected, fixed in 4% formaldehyde, embedded in paraffin, sectioned in 6 µm and stained with Hematoxylin and Eosin. The sections were analyzed in order to measure the diameter and obtain the number of hepatic vessels using a micrometer eyepiece. Hepatic blood vessels were classified into three categories: small caliber hepatic vessels (SCHV), medium caliber hepatic vessels (MCHV) and large caliber hepatic vessels (LCHV). It was observed that the diameter of the SCHV in embryos exposed to MeHg had a significant increase ( $0.135 \mu\text{m} \pm 0.33$ ) when compared to control ( $0.115 \mu\text{m} \pm 0.27$ ;  $p < 0.0001$ ). Besides, it was observed that the number of SCHV in embryos exposed to MeHg was ( $17.2 \pm 2.01$ ) which differed from the control ( $23.7 \pm 1.01$ ;  $p < 0.001$ ). For MCHV, no significant difference was observed between embryos exposed to MeHg ( $38.7 \mu\text{m} \pm 1.58$ ) and control ( $38.7 \mu\text{m} \pm 1.44$ ); in addition, no difference was observed in the number of MCHV in embryos exposed to MeHg ( $2.0 \pm 0.37$ ) and the control ( $2.1 \pm 0.44$ ); For LCHV, no significant difference was observed between embryos exposed to MeHg ( $87.9 \mu\text{m} \pm 4.40$ ) and the control ( $80.0 \mu\text{m} \pm 4.03$ ). Regarding the number of LCHV no difference was observed between embryos exposed to MeHg ( $5.5 \pm 0.45$ ) and control ( $3.2 \pm 0.32$ ). These results demonstrated that MeHg exposure in the embryonic liver led to a decrease in the number of SCHV and an increase in the number of LCHV. Thus, the developing liver was impacted, which has been shown to compensate for reduced SCHV numbers with increased diameter.

**Keywords:** Embryotoxicity, heavy metal, morphometry, *Gallus domesticus*.



## **IN VITRO ANTITUMOR ACTIVITY OF CURCUMIN CONTROLLED-RELEASE POLYMERIC MEMBRANES ON MDA-MB-231 CELLS**

Rafael Vieira Soares<sup>1</sup>; Alexandre Luis Parize<sup>1</sup>; Ariane Zamoner Pacheco<sup>1</sup>; Luana Clemente Canuto<sup>1</sup>; Giuliana Valentini<sup>1</sup>; Layla Schlichting<sup>1</sup>; Maicon Roberto Kviecinski<sup>1</sup> [rafadabarra012@gmail.com](mailto:rafadabarra012@gmail.com)

<sup>1</sup>Universidade Federal de Santa Catarina

### **ABSTRACT**

**Introduction:** Curcumin, a polyphenolic compound, has been extensively studied for its antitumor activities, but the compound is poorly water soluble, which makes it poorly bioavailable in biological systems. Researchers from the Federal University of Santa Catarina, with the aim of improving physicochemical characteristics, have developed curcumin controlled release polymeric membranes made of hydroxypropylmethylcellulose acetate - succinate and k - carrageenan (HPMCAS). **Objectives.** Comparatively evaluate the cytotoxic potential of curcumin powder and curcumin in HPMCAS membranes on MDA-MB-231 cells of human breast adenocarcinoma. Likewise, study the morphology of tumor cells exposed to HPMCAS and powdered curcumin. Compare potential antiproliferative effect of curcumin powder and curcumin in HPMCAS. Finally, to comparatively evaluate the potential inhibitory effect of curcumin powder and curcumin in HPMCAS on the cell motility of MDA-MB-231 cells. **Methodology.** Cytotoxic activity was determined by the MTT assay. The study of cell morphology was carried out by optical microscopy with a digital image capture system. Antiproliferative activity was evaluated by colony formation assay. The compounds were further subjected to a cell migration test or wound healing assay. **Results.** In treatments of 6 h, curcumin when administered in the form of HPMCAS had increased cytotoxicity up to 4.8 times compared to powdered curcumin. Curcumin induces morphological changes in MDA-MB-231 cells similar to the process of apoptosis. In 4 h treatments, powdered curcumin administered at concentrations of up to 7.5 µg/mL was not able to inhibit the proliferation of MDA-MB-231 cells, whereas 5 µg/mL of curcumin administered in the form of HPMCAS (300 µg) caused an inhibition of up to 35% compared to the control. Powdered curcumin (15 µg/mL) completely inhibited cell migration and for curcumin in HPMCAS membranes to cause an equivalent effect, the same 15 µg/mL (300 µg of HPMCAS membrane) was necessary, with no increase in activity in this case. **Conclusion.** Data indicate that curcumin administered in the form of membranes has, in general, superior antitumor activity compared to curcumin administered in powder form.

**Keywords:** MDA-MB-231 cells, cytotoxicity, antiproliferative, antimigratory.

## INFLUÊNCIA DA CRIOPRESERVAÇÃO NO SECRETOMA DE CÉLULAS ESTROMAIS MESENQUIMAIS DO TECIDO ADIPOSEO CANINO

Aline Megumi Matsushita<sup>1</sup>; Victor de Souza Lima<sup>1</sup>; Monique Coelho Bion<sup>1,2</sup>; Eduardo Casa Clauberg<sup>1</sup>; Andréa Gonçalves Trentin<sup>1, 2, 3</sup> [alinemmatsushita@gmail.com](mailto:alinemmatsushita@gmail.com)

<sup>1</sup>Universidade Federal de Santa Catarina; <sup>2</sup>Universidade Federal do Rio de Janeiro; <sup>3</sup>Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia em Medicina Regenerativa

### RESUMO

As células estromais mesenquimais (CEM) são células-tronco multipotentes e têm sido amplamente estudadas para a aplicação terapêutica na medicina regenerativa humana e veterinária, já que possuem um potencial imunomodulatório, baixa imunogenicidade e exigem técnicas mais simples de extração e de cultivo *in vitro*. Mesmo assim, para aplicações terapêuticas, as CEM podem apresentar algumas limitações, como uma possível rejeição após o transplante. Para contornar esse problema, o secretoma, que é composto por diversas moléculas, fatores e vesículas secretadas pelas células no espaço extracelular, tem sido uma alternativa de estudo, onde se tem como objetivo o desenvolvimento de um produto de terapia celular avançada. Esse método apresenta menor imunogenicidade, o que contribui para facilitar as aplicações terapêuticas, além de garantir uma maior segurança, visto que, ao longo das passagens das células cultivadas *in vitro*, estas ficam mais suscetíveis a alterações gênicas. Porém, existem algumas dificuldades encontradas em pesquisas de metodologia associadas ao secretoma. Há uma urgência em desenvolver protocolos padronizados desde a coleta das células até a aplicação do secretoma. Entretanto, essa padronização é extremamente complexa por conta da característica do secretoma em ser dinâmico e responder às mudanças no microambiente, implicando que sua composição pode variar dependendo de diversos fatores, como a origem da fonte e condições de cultivo. Ademais, a obtenção do secretoma também torna-se difícil, considerando as práticas clínicas. Assim sendo, a criopreservação, que consiste no armazenamento de materiais biológicos em baixa temperatura, pode ser uma possível etapa do processo para manter as células ou o secretoma acondicionados, visando reduzir os custos e facilitar as aplicações terapêuticas. Portanto, neste trabalho, iremos avaliar a influência da criopreservação na atividade funcional e na composição do secretoma de células estromais mesenquimais derivadas do tecido adiposo canino (CEM-TAC) em quatro condições diferentes (secretoma fresco de células frescas, secretoma congelado de células frescas, secretoma fresco a partir de células criopreservadas e secretoma congelado a partir de células criopreservadas) em fibroblastos da linhagem 3T3 (NIH) a partir das análises de sua capacidade proliferativa, viabilidade, morfologia e ensaio de fechamento *in vitro*, após o tratamento com os secretomas. Como resultado esperado, acredita-se que o secretoma fresco das células criopreservadas apresente uma maior eficácia, visto que o processo de criopreservação pode gerar um maior estresse às células, contribuindo para o aumento de secreção no espaço extracelular.

**Palavras-chave:** Meio condicionado, Criopreservação, Medicina veterinária, Cães.

## INFLUÊNCIA DA IDADE DO OÓCITO NO DESENVOLVIMENTO EMBRIONÁRIO INICIAL IN VITRO: UMA ABORDAGEM NA REPRODUÇÃO HUMANA ASSISTIDA

Fernanda Souza Peruzzato<sup>1,2</sup>; Ricardo Nascimento<sup>1</sup>; Jean Louis Maillard<sup>1</sup>; Ana Lucia Bertini Zarth<sup>1</sup>; Marcelo Costa Ferreira<sup>1</sup>; Yara Maria Rauh Muller<sup>2</sup> [fernanda.peruzzato@gmail.com](mailto:fernanda.peruzzato@gmail.com)

<sup>1</sup>Clínica Fecondare; <sup>2</sup>Universidade Federal de Santa Catarina.

### RESUMO

**Introdução:** A influência da idade do oócito no desenvolvimento embrionário é um ponto de fundamental importância nas tecnologias de reprodução humana assistida. No entanto, compreender suas implicações na fertilização e na formação de blastocistos *in vitro* continua sendo crucial. **Objetivos:** O objetivo principal foi avaliar o efeito da idade do oócito no desenvolvimento embrionário, com foco na taxa formação de blastocistos e na qualidade embrionária. **Material e Métodos:** Foram examinados 24 ciclos de pacientes submetidas a fertilização *in vitro*, somando um total de 100 blastocistos. Esses embriões foram derivados de três faixas etárias distintas: mulheres com até 35 anos (50 embriões), 36 a 39 anos (31 embriões) e maiores de 40 anos (19 embriões). Empregando o software Prism 10, a taxa de formação de blastocistos e a qualidade do embrião utilizando o sistema de classificação Gardner 2000 foram analisadas. A significância estatística foi determinada pelo teste ANOVA para a taxa de blastocisto e Qui-quadrado para a qualidade embrionária, com limite de significância estabelecido em  $p < 0,05$ . Este estudo seguiu protocolo de aprovação número 4.910.131. **Resultados:** Este estudo visou esclarecer aspectos importantes sobre a idade do oócito, oferecendo *insights* práticos para práticas laboratoriais e abordagens clínicas em tecnologias de reprodução assistida. Embora a taxa de blastocisto ( $57,93\% \pm 21,3$ ,  $52,58\% \pm 16,8$  e  $37,27\% \pm 17,1$ ) e a qualidade embrionária ( $52,65\% \pm 31,4$ ,  $35,10\% \pm 30,9$  e  $51,11\% \pm 32,8$ ) foram maiores no grupo de pacientes com até 35 anos, em comparação com mulheres de 36 a 39 anos e maiores que 40 anos, respectivamente, não foram observadas diferenças estatisticamente significativas. **Conclusão:** Os achados, mesmo sem significância estatística, concordam com a literatura no que diz respeito a uma melhor performance de formação e qualidade de blastocistos em mulheres mais jovens. Mais estudos que avaliem uma coorte maior são necessários. Tais investigações são importantes para avaliar o potencial de fertilidade da mulher, ajudando as inférteis a tomar decisões sobre os tratamentos de fertilidade em reprodução humana assistida.

**Palavras-chave:** Oócito, Blastocisto, Desenvolvimento embrionário, Reprodução humana assistida.



## INFLUÊNCIA DA VARIABILIDADE EM GENES DE INTERLEUCINAS NO PROGNÓSTICO DE DOENÇAS PULMONARES

Daniele de Souza Rodrigues<sup>1</sup>; Yara Costa Netto Muniz<sup>1</sup>; Alexandra Susana Latini<sup>2</sup>; Letícia Kawano Dourado<sup>3</sup>; Juliana Dal-Ri Lindenau<sup>1</sup>; rodriguesdaniele.95@gmail.com

<sup>1</sup>LAPOGE, Universidade Federal de Santa Catarina; <sup>2</sup>LABOX, Universidade Federal de Santa Catarina; <sup>3</sup>HCor Associação Beneficente Síria

### RESUMO

**Introdução:** Doenças pulmonares intersticiais (DIP) é uma denominação normalmente empregada para designar um grupo heterogêneo de patologias. A fibrose pulmonar idiopática (FPI) é a forma mais comum de DPI, sendo caracterizada por remodelação difusa e progressiva do parênquima pulmonar, com deposição de matriz extracelular e cicatrização irreversível, que prejudica a capacidade de trocas gasosas. Pacientes com artrite reumatoide (AR) estão em maior risco de desenvolver FPI. Na maioria dos casos, a doença apresenta evolução lenta, porém fatal. Os portadores da doença, em média, sobrevivem entre 2 e 4 anos após o diagnóstico. A suscetibilidade à FPI é parcialmente atribuída à genética, abrangendo aproximadamente 20% de todos os casos de FPI, e com variantes genéticas comuns explicando 30% ou mais do risco de FPI esporádica. Uma resposta hiperinflamatória é normalmente observada em pacientes que desenvolvem FPI, com uma super expressão de citocinas inflamatórias. **Objetivo:** Compreender o papel de variantes em genes de interleucinas relacionadas com inflamação (IL-4, IL-6, IL17-A e IL-17F) no prognóstico de pacientes com diagnóstico conjunto de DIP e AR. **Material e Métodos:** Uma amostra de 100 pacientes com DPI associada à AR foi coletada e está sendo acompanhada clinicamente pelo período de 24 meses. Todos os participantes assinaram o Termo de Consentimento Livre e Esclarecido e essa pesquisa foi aprovada pela Comissão Nacional de Ética em Pesquisa em Seres Humanos sob o número CAAE 21812419.9.1001.0060. Dados clínicos como idade, sexo, uso de tabaco, tipo de doença pulmonar intersticial, capacidade ventilatória do pulmão e presença de fibrose na tomografia serão utilizados para correlacionar as variantes genéticas com o prognóstico da doença. A extração do DNA genômico será realizada utilizando o método de Salting Out. Os polimorfismos escolhidos serão genotipados por discriminação alélica através da técnica de PCR em tempo real utilizando TaqMan®. As frequências alélicas e genotípicas serão estimadas por contagem direta. Será verificado se as frequências genotípicas estão em Equilíbrio de Hardy-Weinberg. Após a obtenção dos resultados laboratoriais serão decididos os testes estatísticos que melhor se adequem aos dados para verificar as associações dos genótipos e/ou presença de alelos com o prognóstico da doença. **Resultados Esperados:** polimorfismos genéticos relacionados com maior expressão das interleucinas inflamatórias estarão relacionados com pior prognóstico clínico, retratado como perda de capacidade pulmonar e desenvolvimento de fibrose ao longo do acompanhamento, do que as variantes relacionados com perfil imune menos inflamatório. **Conclusão:** Por ser uma patologia crônica, que compromete a capacidade de vida dos pacientes até o óbito, faz-se necessário cada vez mais a compreensão do papel da variabilidade genética em interleucinas, uma vez que elas são moléculas capazes de auxiliar no diagnóstico e no desenvolvimento de novas terapias para a enfermidade. Esses polimorfismos têm a capacidade de influenciar nos níveis de expressão e, conseqüentemente, de influenciar no perfil de resposta imune desencadeado. Desta forma, conhecer e entender o papel destas variantes é essencial para entendermos o prognóstico de pacientes com AR e DPI.

**Palavras-chave:** Interleucinas, Doença Pulmonar Intersticial, Inflamação, Artrite Reumatoide.

## INSIGHTS INTO ZIKV INFECTION ON CRANIOFACIAL MORPHOLOGICAL ALTERATIONS AND SHARED GENETIC MODULATION

Nathali Parise Taufer<sup>1</sup>; Camila Santos de Souza<sup>1</sup>; Lucas Trentin Larentis<sup>1</sup>; Ricardo Castilho Garcez<sup>1</sup>  
[nathaliptaufer@gmail.com](mailto:nathaliptaufer@gmail.com)

<sup>1</sup>Universidade Federal de Santa Catarina

### ABSTRACT

Zika virus (ZIKV) has been recognized for its ability to breach the blood-placental barrier, leading to embryo infection and consequential congenital defects, notably microcephaly. The etiology behind ZIKV-induced microcephaly includes death or reduced proliferation of neural progenitor cells or neural stem cells, along with their premature differentiation and disruption of cell cycle progression in radial glial progenitors. The bones of the skull are also affected by ZIKV infection, with craniosynostosis and reduced overall size of the cranial bones already reported. Given the intricate interplay between cerebral cortex development and cranial bones formation, the perturbation caused by ZIKV may encompass shared regulatory networks governing these processes. In this comprehensive review, we amalgamate findings from literature and computational analyses to elucidate morphological craniofacial alterations caused by ZIKV infection and the modulation of genes and proteins associated with these alterations. The PubMed database was used to search for articles describing malformations and signaling mechanisms affected by ZIKV infection. Computational analyses were conducted to identify gene ontology terms and genes and proteins modulated by ZIKV using R and RStudio. A total of 2,148 articles published between 2016 and April 2023 were obtained. Microcephaly was the most common morphological finding in the selected articles. In addition, ZIKV infection was associated with ventricular alterations such as ventriculomegaly, colpocephaly, and hydrocephalus. Corpus callosum agenesis and hypoplasia, cerebral and cortical atrophy, and cerebral hypoplasia were also associated with ZIKV infection. Brain surface anomalies have also been registered, including lissencephaly, pachygyria, and polymicrogyria. Alterations in the brainstem, cerebellum, spinal cord, and cisterna magna have also been documented. ZIKV infection is also reported to cause damage, decreased brain parenchymal volume, and reduced length of the neural tube. Regarding skeletal anomalies, congenital ZIKV infection can be classified into two types, neurocranial and viscerocranial bone alterations. From the selected articles, 300 genes and proteins modulated by ZIKV infection could be related to microcephaly. After a gene enrichment analysis, 93 unique genes were associated with gene ontology terms related to the central nervous system and 14 to the bones, and 37 genes were shared between them. A second enrichment analysis was performed in order to relate these 37 genes to diseases. The results showed that the genes shared between the central nervous system and bones are mainly involved in myeloid neoplasm and bone marrow cancer. This study identified that the main morphological alteration induced by ZIKV is microcephaly and the sharing of genes involved in brain and craniofacial bone development modulated by the viral infection suggests that ZIKV affects signaling mechanisms during craniofacial development.

**Keywords:** ZIKV, Microcephaly, RStudio, Review.

## ISTs (HPV, HERPES GENITAL E GONORREIA): SINTOMAS, TRANSMISSÃO E PREVENÇÃO

Anelize Camila Stallbaum<sup>1</sup>; Ricardo Ruiz Mazzon<sup>2</sup>; Carlos José de Carvalho Pinto<sup>2</sup>

[anelizebio@gmail.com](mailto:anelizebio@gmail.com)

<sup>1</sup>Mestranda do Programa de Pós-Graduação em Ensino de Biologia em Rede Nacional - PROFBIO, Universidade Federal de Santa Catarina; <sup>2</sup>Docentes PROFBIO, Universidade Federal de Santa Catarina

### RESUMO

A atividade desenvolvida teve por objetivo abordar e esclarecer dúvidas dos alunos sobre infecções sexualmente transmissíveis, as ISTs, consideradas como um dos maiores problemas de saúde pública no Brasil e no mundo, destacando a importância de se discutir o tema com os jovens, uma vez que eles também serão disseminadores de informações científicas no ambiente escolar, e, principalmente, na sociedade, uma vez que a promoção da saúde no contexto escolar também encontra-se respaldada por documentos oficiais como a própria BNCC. Dessa maneira, o trabalho buscou compreender os sintomas, formas de transmissão e a importância da prevenção de ISTs como o HPV, a herpes genital e a gonorreia, enfatizando o uso de preservativos em todas as relações sexuais como meio de se evitar o contágio. De maneira geral, a atividade consistiu em um estudo de caso encenado de uma consulta médica, na qual a professora interpretou o paciente e os alunos anotaram os sintomas relatados por ela em uma ficha médica previamente elaborada para a atividade, e, a partir disso, buscaram informações para descobrir a causa do problema, com base nas hipóteses levantadas pelos discentes após a encenação da atividade. Alguns alunos apresentaram dificuldade em buscar informações, enquanto outros se mostraram mais familiarizados com o processo investigativo e com o levantamento de informações na internet. Após pesquisas em sites confiáveis, realizou-se uma roda de conversa para compartilhar os resultados obtidos pelos discentes, onde os mesmos, de forma unânime, chegaram à conclusão de que o uso de preservativos nas relações sexuais é de extrema importância para diminuir o contágio de infecções por transmissão sexual, além de identificar as possíveis infecções que acometeram o suposto paciente. Ao término das discussões, os estudantes solicitaram mais atividades com esse formato dinâmico e que fogem do modelo tradicional de ensino, e que promovem, de forma motivadora e protagonista, a troca de informações entre todos os integrantes da sala de aula. A presente atividade de estudo de caso encenado mostrou-se eficiente para abordar doenças e infecções, desenvolvendo habilidades de liderança nos alunos e os auxiliando na resolução de problemas, ao passo em que compartilham o aprendizado com suas famílias e na comunidade onde encontram-se inseridos, contribuindo para a difusão do conhecimento científico, conscientização coletiva e promoção da saúde.

**Palavras-chave:** Infecções sexualmente transmissíveis, Estudo de caso, Ensino por investigação, Aprendizagem.

## MARCADORES GENÉTICOS RELACIONADOS A PIOR PROGNÓSTICO NO CO-DIAGNÓSTICO DA DOENÇA PULMONAR INTERSTICIAL - ARTRITE REUMATÓIDE

Matheus Reck Dutra<sup>1</sup>; Juliana Dal Ri Lindenau<sup>1</sup>; Yara Costa Netto Muniz<sup>1</sup>

[matheus93reck@gmail.com](mailto:matheus93reck@gmail.com)

<sup>1</sup>Universidade Federal de Santa Catarina Centro de Ciências Biológicas. Programa de Pós-Graduação em Biologia Celular e do Desenvolvimento.

### RESUMO

A Artrite Reumatóide (AR) é uma doença sistêmica do tecido conjuntivo altamente prevalente que afeta aproximadamente 1% da população. É uma condição inflamatória e autoimune que afeta predominantemente as articulações, mas em casos mais graves pode afetar outros órgãos. O envolvimento pulmonar na AR compromete a qualidade e a expectativa de vida dos pacientes, sendo uma das principais causas de morte. A doença pulmonar intersticial (DPI) é um dos importantes acometimentos pulmonares em pacientes com AR (AR-DPI). No entanto, atualmente não é possível identificar a priori os pacientes que desenvolverão essa forma grave da doença. O objetivo do presente projeto é avaliar polimorfismos de um único nucleotídeo (SNP), identificando alelos que possam estar associados ao desenvolvimento de AR-DPI e assim, auxiliar na identificação precoce destes pacientes, funcionando como possíveis preditores de progressão no momento anterior a progressão. A amostra desse trabalho será composta 100 pacientes com DPI-AR, provenientes de um projeto maior e que propõe um estudo observacional e que serão seguidos por 2 anos. Será realizada a extração de DNA a partir de amostras de sangue de pacientes que sofrem de AR-DPI, provenientes de três hospitais de referência no Brasil. A análise subsequente dessas amostras envolve a identificação de alelos dos SNP selecionados, utilizando sondas de hidrólise sequência específica, do tipo TaqMan®, seguindo orientações do fabricante. Após as análises de associação alélica com os diferentes desfechos, espera-se encontrar alelos que possam estar relacionados a um pior prognóstico em pacientes com AR-DPI. Atualmente, existem medicamentos que podem atrasar a progressão da doença trazendo benefícios a pacientes graves; no entanto, esses medicamentos podem, a longo prazo, agravar o quadro clínico dos pacientes e por isso, não devem ser usados em pacientes cujo a doença permanecerá controlada. Portanto, é fundamental determinar precocemente quais pacientes terão a forma grave da doença e assim, tratá-los antes da progressão e sequelas. Os alelos de SNP associados a forma grave, que serão identificados no presente estudo, poderão ser usados em novos protocolos de identificação precoce e acompanhamentos destes pacientes, promovendo intervenção e tratamento oportunos em pacientes de alto risco. Espera-se que este projeto resulte na identificação de polimorfismos específicos na população brasileira, o que, por sua vez, poderá melhorar o prognóstico e a abordagem terapêutica para essa condição em nossa população.

**Palavras-chave:** Polimorfismos, Genética, Exoma, Fibrose, Simpósio, Ciência, Pesquisa, UFSC.



## METODOLOGIA ATIVA NO ENSINO DO PAPEL ECOLÓGICO DOS PREDADORES DE TOPO

Ana Paula da Silveira<sup>1</sup>; Renato Hajenius Aché de Freitas<sup>1,2</sup> [ana.silveira@posgrad.ufsc.br](mailto:ana.silveira@posgrad.ufsc.br)

<sup>1</sup>Mestrado Profissional em Ensino de Biologia – PROFBIO; Centro de Ciências Biológicas – CCB; Universidade Federal de Santa Catarina – UFSC; <sup>2</sup>Laboratório de Biologia de Teleósteos e Elasmobrânquios – LABITEL; Departamento de Ecologia e Zoologia – ECZ; Centro de Ciências Biológicas – CCB; Universidade Federal de Santa Catarina – UFSC.

### RESUMO

O ensino na educação básica se torna mais efetivo e significativo quando os estudantes participam ativamente do processo de ensino e aprendizagem. Em Ecologia, o entendimento do funcionamento de cadeias tróficas e o papel do predador de topo de cadeia alimentar é um conceito chave e que pode ser trabalhado com metodologia ativa. Esse foi o objetivo geral da presente atividade, exemplificada pelos seguintes predadores: ariranha, baleia-cachalote, crocodilo-americano, lontra-neotropical, onça-parda, onça-pintada, orca e tubarão-branco. Os animais selecionados foram citados no diagnóstico curricular do ensino médio realizado no início do ano letivo. Cinquenta e seis estudantes do 3º ano de uma escola pública do município de Biguaçu (SC) foram convidados a participar de um ciclo investigativo, aplicado em cinco aulas não consecutivas na disciplina de Biologia, durante o mês de abril de 2023. A atividade foi dividida em cinco etapas (45 minutos cada), iniciando com a problematização, onde foi proposto um jogo colaborativo para que os estudantes identificassem os predadores, além de discutir as relações entre eles. Na segunda etapa, foram definidos quatro blocos de perguntas e os estudantes, organizados em grupos (quartetos), participaram da elaboração de respostas, considerando na produção textual os seus conhecimentos prévios. Para testar suas respostas, recorreram à terceira etapa, pesquisa bibliográfica de conteúdo, consultando materiais impressos e digitais, utilizando a internet e o acervo disponível na escola. Na organização e divulgação dos resultados (quarta etapa) fizeram a comparação das respostas iniciais com as elencadas na pesquisa de conteúdo, demonstrando segurança nas argumentações, domínio sobre o assunto e enriquecimento do vocabulário. A atividade foi finalizada com uma roda de conversa mediada pela professora (quinta etapa) onde os estudantes refletiram sobre a importância dos predadores no controle populacional de outras espécies. Também destacaram que os animais estudados são bioindicadores, contribuindo para avaliar a qualidade do meio ambiente e possíveis intervenções humanas nos ecossistemas. Posteriormente, os grupos elaboraram *folders* para exposição nos murais da escola, divulgando seus trabalhos aos demais estudantes e professores. A experiência favoreceu o protagonismo dos estudantes, que se sentiram mais motivados aos estudos em decorrência dessa abordagem diferenciada com aplicação de jogo didático e investigação, estabelecendo uma nova relação com o ensino de Biologia.

**Palavras-chave:** Bioindicação, Cadeia alimentar, Ensino médio, Metodologia ativa.



## MICRORNAS COMO BIOMARCADORES DE CÂNCER DE MAMA: UMA ANÁLISE *IN SILICO*

Leili Daiane Hausmann<sup>1</sup>; Guilherme de Toledo e Silva<sup>1</sup>; Yara Costa Netto Muniz<sup>1</sup> [leiliih@gmail.com](mailto:leiliih@gmail.com)

<sup>1</sup>Universidade Federal de Santa Catarina. Centro de Ciências Biológicas.

### RESUMO

O câncer de mama (CM) é uma doença causada pela multiplicação desordenada de células anormais da mama, que forma um tumor com potencial de invadir outros órgãos. É uma doença multifatorial amplamente estudada, com muitos fatores genéticos e ambientais envolvidos, mas ainda é a principal causa de mortes por câncer em mulheres no mundo. Recentemente, inúmeros estudos têm investigado a relação e interação entre o CM e microRNAs, pequenos RNAs não codificadores de proteínas que desempenham um papel importante na iniciação e progressão do tumor. Quando o alvo de um microRNA é um mRNA ele pode inibir a tradução desse alvo ou até mesmo catalisar a degradação do mesmo. Essas pesquisas contribuíram para o entendimento da complexidade de surgimento e manutenção do CM. O perfil de expressão de microRNAs é uma ferramenta importante para estudar a biologia dos tumores e serve como base para avaliações diagnósticas e prognósticas. O presente estudo buscou a identificação de um perfil que diferencie tecido tumoral de mama do tecido normal adjacente das mesmas pacientes, com base na hipótese de que os níveis de expressão de muitos microRNAs são heterogêneos entre os tecidos e podem servir como marcadores. Foi realizada uma busca *in silico* por microRNAs expressos diferencialmente em CM, identificando assinaturas moleculares de expressão gênica que distinguem o tumor do tecido normal. Essa busca foi realizada através de amostras de expressão gênica disponíveis em bancos de dados públicos obtidas a partir de RNA-seq (TCGA). Os microRNAs diferencialmente expressos foram detectados com o uso do pacote DESeq2. O estudo identificou 54 microRNAs expressos diferencialmente: 42 superexpressos nas amostras tumorais e 13 subexpressos. Muitos desses microRNAs já foram associados em outros estudos a expressão alterada em cânceres, inclusive em CM. Entre eles destaca-se o miR-204, que foi observado no presente estudo com menor expressão no tecido tumoral quando comparado com o tecido normal. Este microRNA é um supressor tumoral, que regula crescimento e metástase, e sua expressão desregulada foi observada em câncer endometrial e CM. Um dos alvos de regulação dele é o gene *PRR11* que codifica uma proteína que atua no ciclo celular e promove a progressão tumoral. O miR-182 foi também destacado no presente estudo, mas com alta expressão no tecido tumoral. A regulação positiva desse microRNA no tecido tumoral de mama também foi observada em outras pesquisas. Além disso, a expressão elevada do miR-182 foi observada no plasma sanguíneo de pacientes com CM ao comparar com o plasma de mulheres sem a doença. O miR-182 tem funções pró-tumorais e pode regular negativamente a expressão de *BRCA1* que está comumente diminuído em CM esporádico, e isso se correlaciona com mau prognóstico de pacientes com CM. Ainda, no presente estudo, foi observado o miR-105-1 altamente expresso no tecido tumoral. Um estudo com células mamárias normais e tumorais verificou que o miR-105-1 estava altamente expresso nas tumorais e que isso induz a metástase. Com base nos achados do presente estudo outros microRNAs como miR-767, miR-96, miR-937, miR-2114 e miR-183 também estão superexpressos nos tecidos tumorais de mama. Enquanto os microRNAs miR-383, miR-486 e outros parecem estar subexpressos no tecido tumoral de mama. Em conclusão, este estudo identificou alguns microRNAs diferencialmente expressos em CM que podem servir como biomarcadores tumorais.

**Palavras-chave:** Carcinoma de mama, Tecido tumoral de mama, Expressão diferencial, TCGA.

## MINICURSOS PARA A COMUNIDADE COMO FORMA DE EXTENSÃO UNIVERSITÁRIA: A VIVÊNCIA DO LACERT

Nathali Parise Taufer<sup>1</sup>; Lucas Trentin Larentis<sup>1</sup>; Ricardo Castilho Garcez<sup>1</sup>; Andréa Gonçalves Trentin<sup>1</sup>  
[nathaliptaufer@gmail.com](mailto:nathaliptaufer@gmail.com)

<sup>1</sup>Universidade Federal de Santa Catarina

### RESUMO

As universidades brasileiras, enquanto instituições de ensino superior, devem estar ancoradas na tríade ensino, pesquisa e extensão. A extensão universitária, apesar de pouco explorada, desempenha um papel fundamental na disseminação dos conhecimentos gerados a partir do ensino e da pesquisa, criando uma ponte entre a academia e a sociedade. Seu propósito é articular o saber com as necessidades da comunidade, a fim de viabilizar mudanças na realidade social. A partir desse contexto, o Laboratório de Células-Tronco e Regeneração Tecidual (LACERT), do Centro de Ciências Biológicas da Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC), promove a divulgação do conhecimento produzido por meio do projeto de extensão "Células-tronco por trás da pesquisa: difundindo conhecimento científico". O objetivo das atividades contidas nesse projeto é divulgar para a comunidade os projetos de pesquisa e extensão desenvolvidos, assim como os resultados obtidos no LACERT, buscando estimular o interesse pela pesquisa e retribuir o investimento público. Como forma de alcançar esse objetivo, foram elaborados minicursos abertos à comunidade, com o apoio dos docentes e discentes integrantes do LACERT. Esses cursos de curta duração, oferecidos presencial ou remotamente, adotaram abordagens teóricas e/ou práticas. As estratégias pedagógicas incluíram exposição dialogada, atividades práticas em laboratório e interações com o auxílio da plataforma Kahoot!, que se baseia em jogos para facilitar o aprendizado. Os resultados dessas atividades de extensão foram positivos, evidenciados pelo engajamento dos participantes. Eles interagiram de maneira ativa com o conteúdo e demonstraram compreensão do método científico, que abrange um conjunto de procedimentos sistematizados em que todo o conhecimento científico está fundamentado. A partir da nossa experiência, a execução do minicurso remoto apresentou algumas dificuldades, como a realização durante o período letivo e menor adesão de inscritos, provavelmente em razão da ocorrência simultânea de outros minicursos que, assim como o nosso, faziam parte de um evento anual organizado pela UFSC. Apesar disso, minicursos remotos têm a vantagem de facilitar que pessoas de qualquer lugar participem, já que eliminam a necessidade de deslocamento. A participação do jogo via Kahoot! reforçou o envolvimento e o entusiasmo da audiência. O uso dessa ferramenta provou ser uma aliada para avaliar tanto o conhecimento prévio quanto o adquirido durante as atividades de ensino. A respeito dos minicursos presenciais, eles demandam infraestrutura adequada e um número de vagas limitado, devido às restrições de espaço físico. No entanto, oferecem a vantagem de uma interação mais direta entre o ministrante e os participantes, permitindo a realização de atividades práticas em que os cursistas possam se envolver ativamente. O acompanhamento das redes sociais do LACERT, que conta com 1,4 mil seguidores no Facebook e 1,2 mil no Instagram, demonstra o interesse do público. Conclui-se, portanto, que o objetivo estabelecido por essas atividades de extensão foi atingido. Por meio da difusão do pensamento científico, os ministrantes conseguiram compartilhar suas experiências com a comunidade e instigar a curiosidade dos participantes acerca da ciência e da pesquisa científica.

**Palavras-chave:** Divulgação científica, Pesquisa, Sociedade, UFSC.

## miRNAS EM PACIENTES PRÉ E PÓS-CIRURGIA BARIÁTRICA COMO PREDITORES DE SUCESSO PARA O TRATAMENTO CIRÚRGICO

Jeanine Schütz Cardoso Teófilo<sup>1</sup>; Marcelo Fernando Ronsoni<sup>1,2</sup>; Alexandre Hohl<sup>1,2</sup>; Simone van de Sande-Lee<sup>1,2</sup>; Alexandra Latini<sup>1</sup>; Juliana Dal-Ri Lindenau<sup>1</sup> [jeanineschutz@yahoo.com.br](mailto:jeanineschutz@yahoo.com.br)

<sup>1</sup>Universidade Federal de Santa Catarina; <sup>2</sup>Hospital Universitário Polydoro Ernani de São Thiago

### RESUMO

A obesidade praticamente triplicou desde 1975, sendo que em 2016 mais de 1,9 bilhões de adultos estavam em sobrepeso, destes, mais de 650 milhões, em obesidade. Apesar de muitos esforços para conscientização a respeito do cuidado com o peso corporal, a obesidade mundial mantém-se em progressão ascendente. A cirurgia bariátrica é a intervenção mais eficaz para a perda de peso em longo prazo e vem sendo adotada para indivíduos em obesidade grau III (IMC > 40 kg/m<sup>2</sup>) e para os que atingem obesidade grau II (IMC > 35 kg/m<sup>2</sup>) com comorbidades. Há sucesso na perda de peso, entretanto a comunidade científica enfrenta desafios para compreender a variabilidade dos resultados e o reganho de peso anos após o procedimento. A etiologia do reganho de peso é multifatorial, incluindo hábitos comportamentais e alimentares, saúde mental, alterações anatômicas, variações hormonais e aspectos genéticos. Os microRNAs (miRNAs) são RNAs não codificantes que regulam a expressão gênica pós-transcricional e estão associados a processos relevantes para o desenvolvimento da obesidade e desempenham papel importante no processo de perda de peso após a cirurgia bariátrica. São encontrados no sistema circulatório, portanto podem ser utilizados como biomarcadores diagnósticos. O objetivo deste projeto é estabelecer um painel de miRNAs que se relacione com a diferenciação da eficácia do tratamento cirúrgico em indivíduos com obesidade submetidos ao tratamento cirúrgico. Participarão deste projeto indivíduos submetidos à cirurgia bariátrica no Hospital Universitário Polydoro Ernani de São Thiago e que seguem em acompanhamento na Endocrinologia. Este projeto faz parte de um projeto maior aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa com Seres Humanos da Universidade Federal de Santa Catarina sob parecer número 3.954.019. Serão realizadas coletas de sangue periférico dos pacientes antes e após a cirurgia (nas consultas de acompanhamento). Será realizada extração dos RNAs destas amostras para em seguida realizar o cDNA. Serão quantificados miRNAs específicos de genes alvo, assim como os listados como diferenciais aos indivíduos submetidos a este procedimento na literatura científica, como, por exemplo, miRNA-31-5p, miR-328-3p e o miR-181a-5p. Relacionaremos a presença destes miRNAs com os parâmetros clínicos dos pacientes, como a intensidade de perda de peso, reganho de peso no acompanhamento, desenvolvimento de complicações, níveis de marcadores bioquímicos e inflamatórios e outras informações clínicas relevantes disponíveis no prontuário. Para tanto, utilizaremos de análises estatísticas adequadas para cada parâmetro, como por exemplo, regressão, análises de comparações de proporções e correlações. A hipótese científica é que existem miRNAs presentes no sangue de indivíduos com obesidade grave que podem prever o sucesso na abordagem cirúrgica de tratamento da obesidade, auxiliando na triagem e na condução clínica dos pacientes de maneira a aumentar a taxa de sucesso das cirurgias realizadas.

**Palavras-chave:** Epigenética; Obesidade; Tratamento cirúrgico da obesidade; Biomarcadores

## NEW miRNAs AND THEIR TARGETS INVOLVED IN BIOTIC STRESS IN COMMON BEAN

Rafaela Marcondes Hasse<sup>1</sup>; Sarah Kirchhofer de Oliveira Cabral<sup>1</sup>; Franceli Rodrigues Kulcheski<sup>1</sup>  
[rafaela.hasse@grad.ufsc.br](mailto:rafaela.hasse@grad.ufsc.br)

<sup>1</sup>Group of Plant Molecular Biology, Federal University of Santa Catarina

### ABSTRACT

Common bean (*Phaseolus vulgaris*) is a globally important crop with economic and nutritional relevance. Understanding the molecular defense mechanisms against its pathogens is paramount for advancing genetic improvements in beans. In this context, microRNAs (miRNAs) have been widely explored due to their well-known regulatory roles in plant-pathogen interactions, particularly during pathogen establishment and plant defense responses. Given the importance of *P. vulgaris*, this study aimed to computationally identify novel miRNAs and their target transcripts related to biotic stress. Additionally, we explored the roles of these target transcripts in plant cellular processes and their homology in other species to gain insights into the biological functions of the predicted miRNAs. To select miRNAs involved in the plant-pathogen responses, an extensive search was carried out across the Web of Science, Scielo, PubMed, Wiley, ScienceDirect, and Google Scholar databases using the keywords "microRNA", "pathogen", and the names of plants from the Fabaceae family. To avoid redundancy, previously validated miRNAs of *P. vulgaris* listed in the miRBase and PmiREN miRNA databases were excluded. The remaining sequences were subjected to blastN analysis, with one mismatch allowed, to identify highly similar sequences suitable for miRNA precursor analysis. The resulting sequences (of approximately 200 nucleotides) were subjected to RNAfold testing via the ViennaRNA Web Services online server. Based on folding analysis, seven new miRNA genes were identified in the common bean: pvu-MIR-028, pvu-MIR-156g, pvu-MIR-828, pvu-MIR-5037a, pvu-MIR-5037b, pvu-MIR -9560 and pvu-MIR-10405. Then, target transcripts were predicted using the psRNATarget tool. Analysis in the psRNATarget program provided information about the type of inhibition that may occur in the target messenger RNA. Most of the newly identified miRNAs regulate their targets through cleavage, while a few target transcripts were predicted to be subjected to translational repression. In total, 53 targets were identified at the family level. Subsequently, the targets were investigated for their involvement in cellular processes and homology in other plant species. Our results indicate that pvu-MIR-028 inhibits a serine/threonine phosphatase and regulates proteins related to the immune response. pvu-MIR-156g was predicted to play a regulatory role in sugar and auxin metabolism, in addition to influencing autophagy. pvu-MIR-828 was observed to repress proteins associated with the biosynthesis of proanthocyanidins and salicylic acid, and regulates an antisense transcript for ribosomal RNA protein 1, contributing to programmed cell death. Furthermore, pvu-MIR-5037 was found to inhibit proteins that regulate phytohormones, such as jasmonic acid (JA) and salicylic acid (SA), and to influence chaperone-mediated autophagy and the calcium efflux pathway. pvu-MIR-9560 was predicted to target GATA transcription factors and an enzyme involved in glycosylation. Lastly, pvu-MIR-10405 was observed to target a serine/threonine phosphatase, N-acetyl transferase enzyme, lipoxygenase and a Ras 11A-related protein, thus affecting several plant defense pathways. The identification of these miRNAs can contribute to future research aimed at enhancing crop resistance and productivity during biotic stress, ultimately contributing to global food security.

**Keywords:** microRNA, plant-pathogen interaction, *in silico* prediction, biotic stress.



## NÍVEIS DE EXPRESSÃO DE IL-10 COMO POTENCIAL BIOMARCADOR EM MULHERES COM LES

Maria Luiza Guimarães de Oliveira <sup>1</sup>; Luan Viana Santin <sup>1</sup>; Amanda Carvalho de Barros <sup>1</sup>; Danton Magri <sup>1</sup>; Manuela Nunes Drehmer <sup>1</sup>; Yara Costa Netto Muniz <sup>1</sup>; Juliana Dal-Ri Lindenau <sup>1</sup>  
[juliana.lindenau@ufsc.br](mailto:juliana.lindenau@ufsc.br)

<sup>1</sup> Universidade Federal de Santa Catarina – UFSC – Florianópolis (SC), Brasil. Centro de Ciências Biológicas – CCB. Programa de Pós-Graduação em Biologia Celular e do Desenvolvimento – PPGBCD.

### RESUMO

**Introdução:** O Lúpus Eritematoso Sistêmico (LES) é uma doença autoimune multissistêmica. A sua etiologia não é clara; entretanto, fatores genéticos, ambientais e imunológicos já foram relacionados à patogênese. Há evidências de que citocinas podem contribuir para a doença, modulando as respostas imunes inata e adaptativa. A interleucina-10 (IL-10) é uma citocina com funções pleiotrópicas, previamente relacionada a pacientes com LES e ao status de atividade da doença. Polimorfismos genéticos na região promotora do gene *IL-10* têm sido associados à produção diferencial dos níveis de proteína, porém com resultados conflitantes. **Material e Métodos:** Para avaliar o possível envolvimento dos polimorfismos rs1800896 (-1082 A/G) e rs1800871 (-819 A/C) na suscetibilidade à doença e características clínicas, analisamos essas variantes pelo ensaio TaqMan® SNP em uma amostra de 135 casos de LES e 130 controles pareados de uma população brasileira miscigenada. Este trabalho foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa com Seres Humanos da Universidade Federal de Santa Catarina, sob parecer número 423.535. As análises estatísticas foram realizadas por qui-quadrado e regressão logística, adotando um valor de  $p < 0,05$  como valor de significância no software SPSS. **Resultados:** Genótipos de alta expressão de IL-10 (-1082 AG ou GG) foram associados à proteção para LES (OR 0,317; IC 95% 0,189–0,525;  $p = 0,001$ ), enquanto nenhum resultado significativo foi encontrado para -819 A/C (OR 1,907; IC 95% 0,966–3,921;  $p = 0,063$ ). Haplótipos de média ou alta expressão de IL-10 foram associados à positividade para autoanticorpos anti-RO ( $p = 0,038$ ), diagnóstico precoce ( $p = 0,022$ ) e maior tempo de fertilidade ( $p = 0,019$ ), possivelmente predizendo um diagnóstico precoce, porém uma doença menos agressiva. **Conclusão:** Esses achados indicam que os polimorfismos do gene *IL-10* influenciam a suscetibilidade ao LES nesta população do Sul do Brasil e podem predizer um fenótipo caracterizado por positividade a Anti-RO, diagnóstico precoce e maior tempo de exposição a hormônios estrogênicos.

**Palavras-chave:** rs1800896, rs1800871, anti-RO, Brasil.



## O PAPEL DOS NANOTUBOS DE TUNELAMENTO NO PROCESSO DE TRANSFERÊNCIA DA RESISTÊNCIA AO TMZ ENTRE CÉLULAS DE GLIOBLASTOMA HUMANO

Fernanda Stelle O. Freitas<sup>1</sup>; Ricardo Castilho Garcez<sup>1</sup> [ferstellefreitas@gmail.com](mailto:ferstellefreitas@gmail.com)

<sup>1</sup>Universidade Federal de Santa Catarina

### RESUMO

Nos últimos 10 anos, foram divulgados dados consistentes de que as células de glioblastoma (GBM) estabelecem comunicação importante na transferência de moléculas por meio de canais membranosos denominados nanotubos de tunelamento (TNTs). Desde sua descoberta em 2004, estas estruturas têm sido amplamente estudadas e o transporte de nucleotídeos, organelas, vesículas, patógenos e proteínas vem sendo descrito como cargas diretamente relacionadas aos TNTs entre diferentes tipos celulares. A demonstração da transferência de mitocôndrias e o transporte de proteínas de resistência como a MGMT entre células GBM, sinalizam o importante papel que os TNTs representam para o processo de sobrevivência nos gliomas, especialmente após condições de estresse celular, seja por ressecção tumoral, por ação farmacológica (TMZ) ou por radiação ionizante. Algumas proteínas conhecidas por desempenhar um papel na resistência ao TMZ, como APNG e STAT3, ainda não foram associadas aos TNTs. Neste contexto, a hipótese é de que células já identificadas como portadoras de mecanismos de resistência ao tratamento quimioterápico possam, por meio dos TNTs transferir as proteínas APNG e STAT3 para células sensíveis à TMZ, conferindo-lhes resiliência. Para verificar se essa suposição ocorre, entende-se que a utilização de um modelo de cultura 3D, por meio de organóides multicelulares, é a abordagem mais apropriada. Isso se deve ao fato de que esse modelo se assemelha mais à complexidade do tecido original, especialmente quanto ao microambiente tumoral, à morfologia e interação celular. A verificação dos aspectos morfológicos e moleculares que conferem a reprodutibilidade de um organóide GBM é essencial e pode ser feita utilizando a técnica de RT-PCR combinada à microscopia confocal. As linhagens de células GBM T98G e LN229, podem ser co-cultivadas e empregadas na formação desses organóides. Essas células possuem origem em pacientes de sexos diferentes e também são distintas quanto à resistência à TMZ, sendo a linhagem T98G resistente à TMZ, ao contrário da linhagem LN229. A verificação da manutenção do perfil de resistência entre as células das diferentes linhagens se faz necessária, sendo possível ser observada pela quantificação de células antes e depois do tratamento por citometria de fluxo. O estresse celular causado pela TMZ deverá ser o suficiente para que as células T98G desenvolvam TNTs até as células LN229 com o objetivo de transferir moléculas de resistência. Esse aumento na formação dos TNTs poderá ser verificado por microscopia confocal associado à imunohistoquímica. A diferenciação entre as células doadoras e receptoras poderá ser observada através da marcação da proteína SRY, por imunohistoquímica, presente exclusivamente em células que possuem o cromossomo Y (T98G). A transferência de moléculas de resistência, como APNG e STAT3 pode ser conferida utilizando inibidores na formação de TNTs, Citocalasina e Latrunculina, antes e depois do tratamento com TMZ. Dessa forma, espera-se que haja menor incidência de células LN229, fato que deverá ser evidenciado pela diminuição de APNG e STAT3 quando comparado aos organóides controle (sem bloqueio de TNTs) e verificada através de imunocitoquímica e citometria de fluxo. Uma vez que as células sensíveis à TMZ, não receberam moléculas de resistência, os níveis de apoptose também deverão estar aumentados, e poderão ser visualizados por imunohistoquímica associada à microscopia confocal. A possibilidade de que o APNG e STAT3 sejam transferidos entre células GBM por meio de TNTs não exclui a possibilidade de que outras moléculas possam igualmente ser transportadas entre células conectadas. Entretanto, caso confirmada, essa informação contribuiria para atestar que os TNTs desempenham um papel fundamental no crescimento tumoral, na capacidade de adaptação aos tratamentos e na recorrência, e por isso representam alvos promissores para intervenções terapêuticas não apenas no GBM, mas também em outros tipos de câncer.

**Palavras-chave:** Glioblastoma, Organóides, Resistência, Nanotubos de tunelamento.

## PATTERNS OF OCCURRENCE OF THE *Aedes aegypti* VECTOR IN THE CITY OF FLORIANÓPOLIS

Karoliny Araujo<sup>1</sup>; Wilker Cavalcante de Lima<sup>1</sup>; Jéssica Sueli Batista dos Santos<sup>1</sup>; Norma Machado da Silva<sup>1</sup>. [karolinyaraujo@outlook.com](mailto:karolinyaraujo@outlook.com)

<sup>1</sup> Federal University of Santa Catarina (Laboratory of Evolutionary Genetics)

### ABSTRACT

Insects of the order Diptera, especially those belonging to the family Culicidae, stand out in terms of human health. *Aedes aegypti* is considered as one of the most important species when it comes to public health, as it is responsible for the transmission of various emerging global arboviruses. This study aimed to analyze the pattern of occurrence of this vector from 2017 to 2022 in the municipality of Florianópolis, in the state of Santa Catarina, southern Brazil. Data such as dengue cases, types of breeding sites, types of properties (commercial, residential, vacant lots, other properties) used by the vector were obtained through the State Director of Epidemiological Surveillance of Santa Catarina (DIVE), and climatic variables through the National Institute of Meteorology (InMet). Three statistical analyses were used in the data obtained: Spearman's Correlation and Principal Component Analysis using the PAST 4.11 program for windows, and Non-Metric Dimensional Scaling using the Primer 6.1.9 program. The results show that the number of mosquito foci in Florianópolis has increased significantly in the last six years. The number of dengue cases showed a significant positive correlation with different types of breeding sites, mainly garbage, fixed deposits (like gutters, cemetery vases) and residential properties, strategic points (bus station and airport) and vacant lots throughout the analyzed period. Wind speed showed a significant negative correlation with nine different types of breeding sites, indicating that higher wind speeds may impair the females flight and the establishment of new foci. The occurrence of foci in elevated water tanks changes depending on the semester of the year, being smaller in the first semester, and increasing in the second semester, when the average temperature tends to lower. This may indicate that high temperatures in elevated water tanks may be affecting the development of the specie, while in the second half of the year, when the average temperatures drop, the water tank environment becomes ideal for its development. In other types of breeding sites the foci occurrence appears to remain stable throughout the year. Considering the type of properties there is also an inversion depending on the semester of the year, where in the first semester commerce and other properties (like churches, hospitals, schools or police stations) dominate in number of foci, in the second semester this dominance occurs in vacant lots, residences and strategic points. These results show that in addition to the variation in the foci number throughout the year, there is a variation in the type of properties used as preferred breeding sites. This kind of result indicates that specific strategies must be considered to control this vector in the city throughout the year. Studies like this are important for developing vector control strategies, but more research is needed to understand how wind speed, for example, may be affecting the vector in Florianópolis.

**Keywords:** Culicidae, Vector diseases, Environmental variables, Temporal analysis

## PRÁTICAS INVESTIGATIVAS COMO ESTRATÉGIAS DIDÁTICAS VOLTADAS PARA O PROCESSO DE ENSINO-APRENDIZAGEM DO TEMA CICLO CELULAR

Fernanda Sens May<sup>1</sup>; Evelise Maria Nazari<sup>1,2</sup> e-mail [fesensmay@gmail.com](mailto:fesensmay@gmail.com)

<sup>1</sup>Universidade Federal de Santa Catarina - Mestrado Profissional em Ensino de Biologia; <sup>2</sup>Universidade Federal de Santa Catarina – PPG Biologia Celular e do Desenvolvimento.

### RESUMO

No Ensino Médio, o processo de ensino e aprendizagem de biologia celular, mais especificamente do tema ciclo celular, apresenta muitos desafios para os professores e os estudantes. A abstração de conceitos, a linguagem científica e a variação nas escalas, são alguns dos desafios que precisam ser superados. O ciclo celular envolve eventos complexos e inclui todo o período desde o surgimento de uma célula até a formação de suas células-filhas. Nas células eucarióticas, o ciclo celular apresenta duas etapas principais, a interfase e a divisão celular. Nessas etapas ocorre o crescimento celular, a duplicação do material genético (DNA) e a divisão física da célula. Para estimular a aprendizagem, é preciso tornar esse tema significativo para o estudante, através de exemplos do cotidiano, os quais ocorrem devido ao ciclo celular, como os processos de crescimento, cicatrização e reprodução dos seres vivos. Ainda, o estudante ao compreender os eventos biológicos envolvidos no ciclo celular terá subsunçores que permitirão a compreensão da biologia celular, da genética, da evolução entre outras áreas da Biologia, contribuindo para uma aprendizagem significativa. Diante das especificidades do conhecimento biológico, é fundamental procurar estratégias de aprendizagem mais eficazes e envolventes. Assim, o presente projeto de dissertação no Mestrado Profissional em Ensino de Biologia (PROFBIO) tem por objetivo propor práticas investigativas voltadas para o ensino-aprendizagem do ciclo celular, de forma a possibilitar maior protagonismo dos estudantes e promoção de um aprendizado significativo. Será realizado levantamento bibliográfico nas bases de dados Google Acadêmico e Scielo, a fim de obter artigos sobre as especificidades do conhecimento biológico do ciclo celular e as dificuldades de ensinar e de aprender este tema em Biologia, bem como do uso da sala de aula invertida e a sua aplicação como prática investigativa. A partir da análise dos artigos será elaborada uma sequência didática com aplicação da estratégia de sala de aula invertida, contemplando atividades de caráter multissensorial e investigativo, que incluem a proposição de materiais educativos e atividades práticas relacionadas ao ciclo celular.

**Palavras-chave:** Divisão celular, Biologia celular, Sequência didática; Aprendizagem significativa.

## PYRIPROXYFEN EXPOSURE FROM PRE-PUBERTY TO SEXUAL MATURITY PROMOTES ENDOMETRIAL IMPAIRMENT AND INCREASES FETAL DEATH IN THE OFFSPRING OF FEMALE MICE

Alice Santos da Silva<sup>1</sup>; Tainara Fernandes Mello<sup>1</sup>; Jennyfer Karen Knorst<sup>1</sup>; Andressa Cristina França<sup>1</sup>; Henrique Frederico Enz Fagá<sup>1</sup>; Fátima Regina Mena Barreto Silva<sup>1</sup>; Gabriel Adan Araújo Leite<sup>1</sup>.

[silvaalicesantosa@gmail.com](mailto:silvaalicesantosa@gmail.com)

<sup>1</sup>Federal University of Santa Catarina

### ABSTRACT

Pyriproxyfen (PPF) is an insecticide considered to be of low toxicity used in agriculture and in drinking water tanks to combat mosquitoes, such as *Aedes*, which transmits dengue, Zika virus, and chikungunya. Classified as a hormonal analog, PPF mimics the juvenile hormone, interfering with the metamorphosis and reproduction of the insect. In Brazil, this insecticide has been used since 2014 in drinking water tanks, following the recommendations of the World Health Organization (WHO), which establishes a maximum daily ingestion dose of 0.01 mg/L. Despite this, some studies show that PPF can cause reproductive toxicity and may act as an endocrine disruptor. This study aimed to evaluate reproductive and systemic toxicity and fertility in female mice exposed to PPF from pre-puberty to sexual maturity. The project was approved by CEUA-UFSC (protocol n° 1963200721). Female *Swiss* mice were divided into three experimental groups (n=20 per group): control (vehicle), PPF 0.1 mg/Kg, and PPF 1 mg/Kg, which received oral treatment from postnatal day (PND) 23 to PND 75. From PND 60 to PND 75, the females were daily assessed for regularity of the estrous cycle. From PND 75, a subgroup (n=10/group), in the estrus phase was euthanized and the thyroid, liver, oviducts, and uterus were collected and weighed. The thyroid and uterus were sent for histological processing, where the uterus was subsequently stained with hematoxylin and eosin (HE) for general histomorphometric evaluation; stained with picosirius red, and counterstained with hematoxylin (PSR-H) for analysis of the collagen fiber content; or stained with toluidine blue for identification and quantification of mast cells. The thyroid was stained with periodic acid–Schiff and counterstained with hematoxylin (PAS-H) for analysis of the thyroid follicles and colloid proportion. The other subgroup (n=10/group) was destined for natural mating with untreated males, and gestational day (GD) 0 was considered when the presence of a vaginal plug or sperm in vaginal smear was confirmed. On GD 18, the females were euthanized, and the ovaries and the gravid uterus were collected to count the gravid corpora lutea and the implantation and reabsorption sites, respectively. The fetuses and their respective placentas were collected and weighed. The fetuses were assessed for vitality through the presence of limb reflexes. Then, the fetuses were stored in alcohol 70% for analysis of the external morphology. Subsequently, the pregnancy and fertility rates, pre- and post-implantation loss rates, and sex ratio were calculated. Differences were considered significant when  $p < 0.05$ . Concerning the mass of vital organs, there was a decrease in the absolute mass of the thyroid from the animals in the PPF 1 mg/kg group and an increase in the relative mass of the liver in the groups that received PPF. Additionally, in the PPF 1 mg/Kg group there was a decrease in the thickness of the endometrial stroma with a reduction in the projections towards the lumen, as well as a lower proportion of collagen fibers in this layer. There was also an increase in fetal death in the PPF 0.1 mg/Kg group. The other parameters were similar among the experimental groups. Summarily, the exposure of female mice to PPF from pre-puberty to sexual maturity resulted in alterations in the organ masses, damaged the endometrial structure of the animals exposed to the higher dose of PPF, as well as increased fetal death in the offspring of the females exposed to the lower dose. It is suggested that PPF may represent a reproductive risk for women who are exposed to the insecticide since pre-puberty.

**Keywords:** Insecticides; Endocrine disruptors; Female mice; Reproductive health.



## PYRIPROXYFEN EXPOSURE SINCE PRE-PUBERTY INCREASES INTERSTITIAL TISSUE IN THE OVARIES OF FEMALE MICE AT ADULTHOOD: A POSSIBLE ANDROGENIC ACTIVITY

Bruna Verdinelli de Oliveira<sup>1</sup>; Alice Santos da Silva<sup>1</sup>; Henrique Frederico Enz Fagá<sup>1</sup>; Tainara Fernandes Mello<sup>1</sup>; Jennyfer Karen Knorst<sup>1</sup>; Andressa Cristina França<sup>1</sup>; Fátima Regina Mena Barreto Silva<sup>1</sup>; Gabriel Adan Araújo Leite<sup>1</sup>. [bruna.verdinelli2003@gmail.com](mailto:bruna.verdinelli2003@gmail.com)

<sup>1</sup>Federal University of Santa Catarina

### ABSTRACT

Pyriproxyfen (PPF) is an insecticide used in agriculture to protect crops against insects and it is also utilized in the treatment of water tanks to control the population of mosquitoes. The PPF has been used in Brazil since 2014 in drinking water tanks, following the recommendations of the World Health Organization (WHO), which states a daily limit ingestion dose of 0.01 mg/L. Its mechanism of action is based on the similarity between the PPF molecule and the juvenile hormone of some mosquitoes, such as *Aedes sp.*, which transmit dengue, Zika virus, and chikungunya. Thus, PPF interferes in the processes of metamorphosis and reproduction of the insect, combating mosquitoes that spread arboviruses. Despite this, some studies show that PPF has an estrogenic activity that can interfere with the female genital system. This study aimed to evaluate the effects of exposure to PPF on the female puberty installation, adult ovary structure, and estrogenic activity. The project was approved by CEUA-UFSC (protocol n° 1963200721). Firstly, female *Swiss* mice were divided into three experimental groups (n=10/per group): control (vehicle), PPF 0.1 mg/Kg, and PPF 1 mg/Kg, which received oral treatment from postnatal day (PND) 23 to PND 75. Since PND 23, vaginal opening and first estrus were monitored daily, followed by body mass measurement on the day of puberty installation. From PND 75, females in the estrus phase were euthanized and the ovaries were weighed and collected. The ovaries were sent for histological processing and stained with hematoxylin and eosin for general histological evaluation. In parallel, the uterotrophic assay was carried out, where females on PND 18, received the treatments for three days and were separated into five experimental groups (n=7/per group): negative control (vehicle), PPF at the doses of 0.01, 0.1, and 1 mg/kg and positive control (17 $\beta$ -estradiol). The mice were euthanized twenty-four hours after the last administration and the uterus with and without fluid, ovaries, oviducts, adrenal glands, kidneys, and liver were collected and weighed. Differences were considered significant when  $p < 0.05$ . The analysis of the uterotrophic test showed similarities between the beginning and final body mass; however, the uterus weight from the positive control group showed increased mass when compared to the other groups, as previously expected. Considering the puberty installation, there was no significant difference between the groups for age and body mass on the day of the vaginal opening and the day of the first estrus. In adulthood, the ovaries showed masses and quantity of follicles and corpora lutea similar among the groups. However, there was an increase in the interstitial tissue in the ovarian cortex and medulla of the females exposed to the higher dose of PPF. In summary, PPF did not show estrogenic activity and had no effects on the day of puberty installation, although it increased interstitial tissue that is related to augmented androgenic secretion, suggesting androgenic activity. Thus, PPF may act as an endocrine disruptor, which may represent a risk to the reproductive health of women exposed to this insecticide since pre-puberty.

**Keywords:** Insecticides, Female reproduction, Mice, Androgenic activity.



## PYRIPROXYFEN INDUCES CARDIOTOXIC EFFECTS DURING EMBRYONIC DEVELOPMENT

Maria Fernanda Conte Bernhardt<sup>1</sup>; Nathália Ronconi Zilli Krüger<sup>1</sup>; Nerveson Pereira dos Santos<sup>1</sup>; Maico Roberto Luckmann<sup>1</sup>; Evelise Maria Nazari<sup>1</sup> [mariafeconte@gmail.com](mailto:mariafeconte@gmail.com)

<sup>1</sup>Universidade Federal de Santa Catarina - Laboratório de Reprodução e Desenvolvimento Animal

### ABSTRACT

Pyriproxyfen (PPF) is a larvicide widely used in drinking water reservoirs in Brazil, mainly to control the population of disease vector mosquitoes. However, concerns regarding its safety for non-target organisms have been increasing, considering the putative correlation between higher incidence of microcephaly in newborns and PPF exposure during pregnancy. Nonetheless, despite some studies demonstrating negative effects of PPF in the developing nervous and endocrine systems in vertebrate animals, little is known about its impact in the cardiovascular system. Therefore, this study aimed to investigate if the larvicide can lead to impaired development of the heart, particularly regarding cell proliferation and morphology of ventricle walls and interventricular septum, using the chicken embryo as an animal model. Thus, *Gallus domesticus* fertilized eggs were incubated at 37.5°C and 65% humidity; at E1, embryos were exposed *in ovo* to 50 µL 0.01 mg PPF/L and 10 mg PPF/L and controls were exposed to DMSO diluted in saline solution (vehicle solution) (n = 6/group). Embryos were analyzed at E10 and all procedures were approved by the University's Ethics Committee (CEUA nº 5843231018). After dissection, hearts were fixed in 4% formaldehyde, embedded in paraffin and sectioned at 6 µm for histological analyses. Coronal sections of the heart were stained with Hematoxylin and Eosin for the morphological and morphometrical analyses using light microscopy. Immunohistochemistry was performed to identify proliferating cells, using the rabbit anti-phosphohistone H3 (*PHH3*) mitosis marker. There was a significant reduction in thickness of the left ventricular wall (194.1 µm ± 18.51) in the group exposed to the higher concentration when compared to control group (263.4 µm ± 27.57; p < 0.05); no significant difference was observed for the right ventricular wall. Additionally, a significant decrease in thickness of the interventricular septum was observed in embryos exposed to 10 mg/L (275.3 µm ± 27.87), when compared to control (378.2 µm ± 29.15; p < 0.001); no significant results were obtained comparing control to 0.01 mg/L embryos (305.2 µm ± 27.38). A significant reduction in the mean number of *PHH3* positive cells for the left ventricle was verified in embryos exposed to 0.01 mg/L (2.871 ± 0.267; p < 0.0001) and 10 mg/L (3.433 ± 0.392; p < 0.0001) when compared to control (5.533 ± 0.443). In the right ventricle, a significant reduction in the mean number of *PHH3* positive cells was also observed in embryos exposed to 0.01 mg/L (2.571 ± 0.254; p < 0.0001) and 10 mg/L (3.743 ± 0.389; p < 0.001) when compared to control (5.559 ± 0.579). Additionally, the interventricular septum also showed significant reduction in the mean number of *PHH3* positive cells, mainly in 0.01 mg/L (2.348 ± 0.312; p < 0.0001) that differed from 10 mg/L (4.156 ± 0.559; p < 0.01) and from control embryos (5.086 ± 0.392). Together, these results demonstrated that a single exposure to PPF in an early developmental stage was able to alter the morphology of the heart, especially in embryos exposed to the higher PPF concentration, associated with a reduction in proliferating cells. Moreover, a thinner left ventricle wall may result in a potentially smaller stroke volume, which could compromise cardiac output and appropriate perfusion, affecting overall development.

**Keywords:** Embryotoxicity; Cardiac Morphology; Ventricles; Cell Proliferation.

## PYRIPROXYFEN INDUCES CHANGES IN MITOCHONDRIAL ULTRASTRUCTURE DURING EMBRYONIC DEVELOPMENT

Nerveson Pereira dos Santos<sup>1</sup>; Maico Roberto Luckmann<sup>1</sup>; Evelise Maria Nazari<sup>1</sup>; Viviane Glaser<sup>2</sup>

[nervesonsantos@gmail.com](mailto:nervesonsantos@gmail.com)

<sup>1</sup>Universidade Federal de Santa Catarina - Laboratório de Reprodução e Desenvolvimento Animal; <sup>2</sup>Universidade Federal de Santa Catarina – Laboratório de Biologia Celular do Campus de Curitibanos

### ABSTRACT

Pyriproxifen (PPF) is a pyridine-based larvicide, with a function analogous to insect juvenile hormone used in crops, drinking water and pets for biological control. However, despite its applications, PPF has been associated with endocrine disruption, oxidative stress and ionic homeostasis in non-target organisms. Currently, the bioaccumulation and metabolic profile of PPF are known, but it has not yet been possible to trace its toxicopathological effects. Recently, our research group published data revealing a reduction in the thickness of brain layers, damage to DNA and a reduction in the proliferation of neural cells. Although this and other results contribute to the understanding of the impacts of PPF exposure on vertebrate embryos, there is still a gap in clarifying the mechanisms underlying the action of pyriproxifen. Therefore, this study investigated the mitochondrial ultrastructure impacts resulting from PPF exposure in the brain of chicken embryos, using electron micrographs to detect changes in mitochondrial morphology. Thus, the fertilized eggs were incubated at 37.5 °C and 65% humidity and, at E1, embryos were exposed *in ovo* to 0.01 mg PPF/L and 10 mg PPF/L, and controls were exposed to DMSO diluted in saline solution (n = 3/group). The embryos were anesthetized by cooling for 15 min at 4 °C, removed from the egg membranes, washed with saline and euthanized by decapitation at E10 in accordance with the UFSC Ethics Committee (CEUA n° 5843231018). After euthanasia, samples were post-fixed with 1% osmium tetroxide, washed twice in 0.1 M sodium cacodylate buffer and dehydrated in an acetone series (30-100%). The samples were infiltrated with Spurr resin polymerized at 70 °C. Image analysis and capture were carried out using a JEOL JEM-1011 transmission electron microscope from the Central Eletronic Microscopy Laboratory (LCME) -UFSC. Our results show a significant reduction in the number of normal mitochondria in the telencephalon and midbrain when comparing the groups exposed to 10 mg PPF/L with the control group. The same happens when we compare the control group to the group exposed to 0.01 mg PPF/L. Interestingly, the mitochondrial fission/fusion profile did not show significant changes in the two exposed groups considering the two brain regions evaluated. Likewise, there was no significant change in the total number of mitochondria per field, in the two exposure groups and in the two regions evaluated. Although the absolute total number of mitochondria was not significantly altered when comparing the three groups, the relative number of altered mitochondria in the exposed groups is twice as high as the number of altered mitochondria in the control group (Telencephalon: Control: 23.85%; 10 mg PPF/L: 52.06%; 0.01 mg PPF/L: 53,45%), (Midbrain: Control: 21.19%; 10 mg PPF/L: 58.96%; 0.01 mg PPF/L: 55.61%). Thus, it can be concluded that exposure to PPF results in mitochondrial ultrastructural changes in the chicken embryo brain. However, further studies are needed to highlight possible disturbances of mitochondrial function and oxidative damage caused by PPF exposure.

**Keywords:** Embryotoxicity; mitochondrial disorders; cell damage.

## REAVALIAÇÃO DO ENSAIO DE FECHAMENTO DE FERIDA DE CÉLULAS ESTROMAIS MESENQUIMAIS DE TECIDO ADIPOSEO CANINO E OPTIMIZAÇÃO DO PROTOCOLO DE ALFA-SMA

Eduardo Casa Clauberg; Andréa Gonçalves Trentin; Victor Juan de Souza Lima; Monique Coelho  
Bion. [dudscasa123@gmail.com](mailto:dudscasa123@gmail.com)

Universidade Federal de Santa Catarina

### RESUMO

Na última década, células estromais mesenquimais (CEM) têm sido alvo de inúmeros estudos avaliando seu potencial terapêutico na regeneração tecidual. Assim como a medicina humana, a medicina veterinária também apresenta interesse na utilização das CEMs como estratégia terapêutica para animais de companhia. Tal interesse é reflexo de importantes fatores apresentados pelas CEMs no reparo de tecidos, como o potencial proliferativo e migratório. Para estudar e avaliar estas características existem algumas atividades que podem ser realizadas *in vitro*, sendo uma das mais simples e práticas o ensaio de fechamento de ferida (“*Scratch Assay*”), que consiste em provocar uma lesão mecânica na monocamada de células obtida no cultivo celular, e observar o fechamento desta ferida. No entanto, a prática deste ensaio em diferentes passagens do cultivo celular apresenta padrões migratórios, proliferativos e morfológicos bastante heterogêneos, tanto antes quanto após a realização do ensaio. Sendo assim, o presente estudo buscou avaliar o tempo de confluência de CEM derivadas do tecido adiposo subcutâneo canino (CEM-TAC) em a técnica de ensaio de *scratch assay*, através da análise da morfologia e densidade celular de CEM-TACs após diferentes condições de plaqueamento para o ensaio de fechamento de ferida. Além disso, a utilização de inibidores proliferativos foi também avaliada. Análises do tempo para obtenção da monocamada de células após o plaqueamento foram realizados em diferentes passagens, juntamente com a contagem destas células ao chegar na confluência de monocamada (~90%), e demonstraram que a quantidade de  $2 \times 10^4$  células plaqueadas apresentam um tempo para obtenção da monocamada ideal e um bom número de células ao final, diferente de outras quantidades testadas. Análises demonstraram também a alteração morfológica das CEM-TACs ao decorrer das passagens celulares, apresentando uma hipertrofia e perda do seu formato fusiforme. Quanto à realização do ensaio de fechamento de ferida observou-se que diferentes condições de plaqueamento não apresentaram mudanças significativas no fechamento da ferida, e uso do inibidor de proliferação mitomicina deve ter seu uso avaliado no ensaio de fechamento de ferida. Esses resultados sugerem que as diferentes condições de plaqueamento influenciam principalmente fatores anteriores à realização da ferida, como no tempo para obtenção da monocamada e no número final de células, e de que a morfologia alterada ao longo das passagens tem grande impacto nisso. Ademais, tais aspectos relacionados à prática do *scratch* resultam em vastas condições de realização da técnica.

**Palavras-chave:** Células-tronco; Medicina Veterinária, *Scratch Assay*, Regeneração Tecidual

## THE EFFECTS OF ENVIRONMENTAL ENRICHMENT ON RAT STRAINS MODEL FOR ATTENTION DEFICIT HYPERACTIVITY DISORDER

Gabriel da Rocha Zurchimitten<sup>1</sup>; Breno Raul Freitas Oliveira<sup>1</sup>; Rafael Kremer<sup>1</sup>; Luara Maia<sup>1</sup>; Francini Vargas Hess<sup>1</sup>; Letícia Vieira Silva<sup>1</sup>; Ariela Maína Boeder<sup>1</sup>; Geison Souza Izídio<sup>1</sup>;  
[gabrielz2000.grz@gmail.com](mailto:gabrielz2000.grz@gmail.com)

<sup>1</sup>Universidade Federal de Santa Catarina.

### ABSTRACT

**Introduction:** It is well-known that Attention Deficit Hyperactivity Disorder (ADHD) is a neurodevelopmental disorder primarily affecting children and adolescents, with a significant impact on their academic lives. The diagnosis of ADHD is predominantly based on the patient's behavioral symptoms, given the absence of currently validated biomarkers. Indeed, the neurobiology of the disorder remains understood, despite hypotheses related to dopaminergic and noradrenergic neurotransmission being widely explored in the literature. The etiology of ADHD also remains unknown, although it is recognized to involve genetic and environmental factors in its composition. Animal models are a widely used alternative in ADHD research, allowing for the isolation and control of specific variables that are impractical in clinical studies. Moreover, isogenic rat strains can be valuable in investigating genes associated with the disorder. The Spontaneously Hypertensive Rats (SHR) and SHR.Lewis.Anxrr16 (SLA16) isogenic strains share identical genomes, except for a region on chromosome 4, known as the Differential Genomic Region (DGR). Over time, numerous studies comparing the behavioral phenotype resulting from DGR have shown that the SLA16 strain exhibits better behavioral characteristics than its genetic control (SHR), considered the gold standard for ADHD research. Environmental factors, such as enriched environments, can be introduced as an experimental variable to assess the validity and robustness of various models. The literature demonstrates that an enriched environment can stimulate the increased expression of neurotrophic factors, which are responsible for triggering cellular-level changes in the Central Nervous System, inducing neuroplasticity and modulating synaptic functions.

**Objective:** To evaluate the effects of environmental enrichment in SHR and SLA16 rat strains.  
**Material and Methods:** After 28 days, weaning and sexing of SHR and SLA16 animals will be conducted. They will be divided into two experimental groups (enriched environment and non-enriched environment) and two sets (males and females). The enriched environment group will be exposed daily, for 12 consecutive hours, over a period of 56 days, during the animals' nocturnal cycle, to an enriched environment. This enriched environment will include a larger space, more animals, and the presence of five stimulating objects rearranged daily in different configurations. The non-enriched environment group will remain under standard laboratory conditions. After one month of exposure, a series of behavioral tests, including, Open Field, Marble Burying, Elevated Plus Maze, Activity Cage, Novel Object Recognition, and Y Maze, will be conducted. Subsequently, the animals will be euthanized, and Neurotrophin-3 (NTF-3) quantification in the hippocampus will be performed using the Enzyme-Linked Immune Sorbent Assay (ELISA) technique.

**Expected Results:** This research aims to elucidate the interaction between the NTF-3 gene and environmental enrichment as a potential neurobiological ADHD pathway. Additionally, it highlights the use of the SLA16 strain as a model for ADHD research.

**Keywords:** Enriched Environment, Neurotrophins, Neurodevelopment, Synaptic Plasticity.



## THE PERCEPTION OF THE BRAZILIAN POPULATION REGARDING THE SAFETY AND EFFICACY OF VACCINES OFFERED AGAINST COVID-19

Bernardo Perin Cima<sup>1</sup>; Janaína Raquel de Simas<sup>1</sup>; Dennis Maletich Junqueira<sup>2</sup>; Rodrigo Ligabue Braun<sup>3</sup>; Luciano Santos Pinto Guimarães<sup>4</sup>; Juliana Dal-Ri Lindenau<sup>1</sup> [bernardopcima@gmail.com](mailto:bernardopcima@gmail.com)

<sup>1</sup>Universidade Federal de Santa Catarina; Laboratório de Polimorfismos Genéticos;<sup>2</sup>Universidade Federal de Santa Maria; <sup>3</sup>Universidade Federal de Ciências da Saúde de Porto Alegre; <sup>4</sup>Guimarães LSP Consultoria Científica LTDA

### ABSTRACT

**Introduction:** Vaccination hesitancy is on the rise in Brazil, being a complex phenomenon influenced by several factors, such as the population's perception of the efficacy and safety of vaccines. In an effort to enhance the success of future vaccination campaigns, this study was conducted to understand the factors that influence the population's perception of the safety and efficacy of vaccines offered during the COVID-19 pandemic in Brazil. **Methods:** An online structured questionnaire was administered from July to August 2021. The collected information included the type of vaccine the respondent received, their primary source of information about vaccination, evaluations of the safety and efficacy of each vaccine type, and assessments of the effectiveness of the vaccination campaign in Brazil. Statistical analyses were conducted to examine which factors influenced the respondent's perception of any of the four types of vaccines available in Brazil. This research was submitted to and approved by the ethics committee in human research at the Universidade Federal de Santa Catarina (CEPSH/UFSC) under registration number 4.857.556. **Results:** A total of 873 responses were collected. The sample primarily consisted of young, female individuals from the southern region of Brazil with higher education. In the overall sample, the Pfizer vaccine was perceived as significantly safer (8.80) than the other three vaccines (8.62, 8.60, 8.54), and Pfizer was also perceived as the most effective vaccine (8.65), followed by AstraZeneca and Janssen (8.40 and 8.34), and then Coronavac (7.58). When stratifying the complete sample, the factors that positively influenced the perception of vaccine safety and/or efficacy included working in the health sector, consuming scientific literature, obtaining information through social media/WhatsApp, and experiencing psychological distress due to the pandemic. The factor that most negatively affected the population's perception of vaccine safety and/or efficacy was the use of preventive medications. Despite the significant discussion about the trade-off between the economy and health during the pandemic, financial losses did not significantly influence the sample's perception. When dividing the sample into vaccinated and unvaccinated groups, either by choice or because the vaccination date had not yet arrived, the unvaccinated group perceived their own knowledge about vaccination as significantly lower, and they felt that the vaccination campaign was not efficient. The unvaccinated group consumed significantly less scientific literature, relied more on social media and WhatsApp for information, and reported suffering financial losses as a result of the pandemic. **Conclusions:** To bridge the gap between science and the public, it is possible to leverage individuals working in the health sector as "scientific authorities" to increase immunization rates. To address low levels of public understanding of scientific literature, long-term investments in education have been associated with increased confidence in scientific practices. As vaccination is a social phenomenon that goes beyond the realm of health, institutions and influencers should invest in social media communication to convey not only the "biological" but also the economic and social benefits of vaccination.

**Keywords:** Vaccination hesitancy; Perception of vaccination; Structured questionnaire.



## UNRAVELING THE MOLECULAR DIALOGUE: INVESTIGATION OF COMMON BEAN (*Phaseolus vulgaris* L.) microRNAs INVOLVED IN DEFENSE MECHANISMS DURING ANTHRACNOSE

Sarah Kirchhofer de Oliveira Cabral<sup>1</sup>; Rafaela Marcondes Hasse<sup>2</sup>; Manuela Veiga Ferreira<sup>2</sup>; Marciel João Stadnik<sup>3</sup>; Franceli Rodrigues Kulcheski<sup>1</sup> [sarahkircabral@gmail.com](mailto:sarahkircabral@gmail.com)

<sup>1</sup>Programa de Pós-Graduação em Biologia Celular e do Desenvolvimento, UFSC; <sup>2</sup>Graduação em Ciências Biológicas, UFSC; <sup>3</sup>Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, UFSC

### ABSTRACT

Anthracoze is caused by the hemibiotrophic fungus *Colletotrichum lindemuthianum* and poses a significant threat to common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) production. Understanding the intricate molecular mechanisms underlying plant defense responses is pivotal for the development of genetic enhancement technologies for beans. Within the context of molecular mechanisms governing plant-pathogen interactions, microRNAs (miRNAs) have gained prominence due to their role in post-transcriptional regulation of genes associated with plant immune responses. Although miRNA genes have been identified in the bean genome in recent years, no study has explored the role of bean miRNAs during *C. lindemuthianum* infection. This research project seeks to identify the miRNAs and their respective targets exhibiting altered expression patterns during *P. vulgaris* x *C. lindemuthianum* interaction and discern their involvement in resistance or susceptibility responses to common bean anthracnose. We aim to understand the dynamic pathways orchestrated by bean miRNAs during anthracnose infection through *in silico* investigations and relative gene expression analyses of two contrasting genotypes, Uirapuru (susceptible) and UFSC-01 (resistant). Samples from common bean leaves infected with *C. lindemuthianum* race 73 strain MANE 001-03 will be collected at 24, 48, 72 and 96 hours after inoculation (hai) for gene expression analysis and microscopic evaluation. The validation of miRNA genes will be carried out by stem-loop RT-qPCR, followed by target prediction using psRNATarget. Fungal germination and development will be evaluated microscopically, as well as host cell viability. Moreover, this work will contribute to the understanding of miRNA-mediated pathways associated with genetic backgrounds and their involvement in the regulation of cellular events during pathogen invasion. Ultimately, the data derived from this study holds the potential to contribute significantly to the development of biotechnological tools as a means of obtaining anthracnose-resistant cultivars, thereby offering viable alternatives for disease management.

**Keywords:** miRNAs, plant-pathogen interaction, *Colletotrichum lindemuthianum*.

## UVB RADIATION EXPOSURE INDUCED MITOPHAGY IN EMBRYONIC AND LARVAL CELLS OF *MACROBRACHIUM OLFERSII*

Giuliam Kátia Strücker<sup>1</sup>; Evelise Maria Nazari<sup>1</sup> [giuliakatia@gmail.com](mailto:giuliakatia@gmail.com)

<sup>1</sup>Laboratório de Reprodução e Desenvolvimento Animal, Programa de Pós-Graduação em Biologia Celular e do Desenvolvimento, Universidade Federal de Santa Catarina

### ABSTRACT

Increased ultraviolet B (UVB) radiation, mainly caused by the depletion of the ozone layer, has become an environmental concern that potentially affects aquatic organisms. The wavelengths (280 –215 nm) of this radiation, have the ability to induce damage to cell organelles such as mitochondria. As an important target of this radiation, mitochondria in *Macrobrachium olfersii* embryonic cells could be affected, compromising embryos and larvae development. Mitophagy is an important mechanism that contributes to the maintenance of cellular homeostasis and was analyzed in this study after embryonic and larval cells of *M. olfersii* were exposed to UVB radiation. Thus, the embryos and larvae were exposed using a 6W UVB lamp for 30 minutes to simulate natural UVB irradiation. Non-irradiated embryos and larvae were used as controls. For that, adults of *M. olfersii* were collected in Lagoa do Peri on the Santa Catarina Island - IBAMA (Authorization n° 15294-1/2008), for reproduction to occur in the laboratory. After 6 and 12 h of irradiation procedure, embryos and larvae were analyzed. To quantify transcription levels, genes associated with mitophagy (*Pink1* and *Map1lc3*) were found in the transcriptome of *M. olfersii* embryos. cDNA synthesis was used to analyze gene expression by RT-qPCR, using *Rpl8* as a reference gene. To evaluate the products of these genes, PINK1 and LC3B protein contents were analyzed by immunohistochemistry. Data were evaluated by Students t-test for independent samples, differences between groups were considered significant when  $p < 0.05$ . After exposure to UVB radiation, *Pink1* and *Map1lc3* transcript levels in embryonic cells were overexpressed at 6 h (2.65-, 7.29-fold, respectively,  $p < 0.05$ ) and protein content assays in embryonic and larval cells demonstrated that PINK and LC3B increased 12 hours after exposure. Our results indicate that mitophagy was activated after exposure to UVB radiation and could act as a protective mechanism to maintain cellular homeostasis. Together, these novelties contributed to the understanding of the impacts of UVB radiation, showing the ability of embryonic cells to mitigate its negative impacts, through the induction mitophagy.

**Keywords:** Autophagy, Embryotoxicity, Mitochondria, Organelles.

**Acknowledgements:** CAPES, CNPq and LAMEB/UFSC.

## ZIKA VIRUS DOWNREGULATES LHX2, A MAJOR REGULATOR OF CORTICOGENESIS

Lucas Trentin Larentis<sup>1</sup>; Nathali Parise Taufer<sup>1</sup>; Camila Santos de Souza<sup>1</sup>; Camila Zanluca<sup>2</sup>; Claudia Nunes Duarte dos Santos<sup>2</sup>; Andrea Gonçalves Trentin<sup>1</sup>; Ricardo Castilho Garcez<sup>1</sup>  
[ltlarentis@gmail.com](mailto:ltlarentis@gmail.com)

<sup>1</sup>Universidade Federal de Santa Catarina; <sup>2</sup>Instituto Carlos Chagas, Fundação Oswaldo Cruz Paraná

### ABSTRACT

Zika virus (ZIKV) infection during pregnancy is associated with several clinical conditions in infants, jointly known as congenital Zika syndrome (CZS). Among the neurological complications presented by children with CZS, microcephaly is one of the most reported. The cerebral cortex is the brain region most severely affected, resulting in a reduction in head circumference. ZIKV impacts on cerebral cortex development urged a search for potential gene targets that could explain these observed phenotypes. Corticogenesis is particularly dependent on the LIM homeobox protein 2 (*Lhx2*), a transcription factor known for its role as a cortical selector. *Lhx2* is expressed in a medial high/lateral low pattern in the dorsal telencephalon and serves as an important regulator of cortical fate commitment, neural proliferation and differentiation. Therefore, we hypothesized that ZIKV-induced microcephaly can be explained by *Lhx2* downregulation, which causes a decrease in cell proliferation, depletion of cortical progenitors and eventually premature neuronal differentiation. To test these hypotheses, chicken (*Gallus gallus*) embryos were incubated at 38 °C for 48 hours, inoculated near the cephalic region with 5 or 500 plaque-forming units of ZIKV and collected 24 hours later, at embryonic day (E) 3. Viral load quantification and gene expression were analyzed by reverse transcription followed by quantitative polymerase chain reaction (RT-qPCR) using total RNA extracted from whole embryos. Data analyses were performed using Design and Analysis (Thermo Fisher), Excel (Microsoft Office), R and RStudio. Our initial results show that ZIKV infection significantly downregulates *Lhx2* (-3.9×). According to previous works, loss of *Lhx2* decreases cell proliferation rates and leads to a diminished pool of cortical progenitors. Furthermore, we observed a significantly reduced expression of *Hes1* (-2.1×), a major effector of the Notch signaling pathway, which plays an essential role regulating neural progenitor maintenance and proliferation. Conversely, ZIKV infection also downregulated *Ngn2* (-3.2×), a transcription factor involved in neuronal differentiation. Collectively, these findings suggest that ZIKV infection disturbs normal regulation of neural proliferation and differentiation by disrupting *Lhx2* expression. Our next steps will focus on the effects of ZIKV infection on the central nervous system. We intend to evaluate cell death, cell proliferation and neuronal differentiation at E5, when neurogenesis has already started in the chicken embryo telencephalon. Experimental procedures involving vertebrates were approved by the institutional animal ethics committee (CEUA/UFSC; protocol n. 6016021017). Methods involving ZIKV were carried out in a biosafety level 2 laboratory, certified by the institutional biosafety committee (CIBio/UFSC; CQB n. 101/99 extension). Support from CAPES, FAPESC, parliamentary amendments/MCTI, UFSC, prof. Dr. Fabiano Dahlke (Ressacada Experimental Farm/UFSC) and Granja Faria S.A. (Lauro Müller, SC).

**Keywords:** Zika virus, Microcephaly, Cerebral cortex, Neuronal differentiation.



A stylized diagram of a chromosome, consisting of a central vertical bar and two horizontal arms, all enclosed within a circular outline. The diagram is rendered in black and green, with green arrows pointing outwards from the horizontal arms. The background of the entire page is a light green and white pattern of DNA double helix structures.

# V KARYO- KINESIS symposium

Sharing and multiplaying knowledge on cell,  
molecular and developmental biology

