

# VII

SIMPÓSIO DE  
INTEGRAÇÃO DAS  
PÓS-GRADUAÇÕES  
DO CCB

# 2020



9 A 12 DE DEZEMBRO  
FLORIANÓPOLIS, SC - BRASIL



ANAIS DE  
CONGRESSO

ISBN 978-65-87206-50-9





## VII Simpósio de Integração das Pós-Graduações do CCB

Desafios e Inovações das Ciências Biológicas em tempos de Pandemia



**Anais do VII Simpósio de Integração das Pós-Graduações do Centro de Ciências Biológicas (CCB)** com o tema “Desafios e Inovações das Ciências Biológicas em tempos de Pandemia. Formato online entre os dias 09 a 12 de dezembro de 2020.

### Comissão Organizadora

Aline Nunes (Presidente)

Ana Carolina da Silva Vieira (Presidente)

Ana Clara Nass da Cruz Torrá

Carla Eliana Davico

Carlito Leopoldo Jorge Oliveira

Caroline Schmitz

Julia Fernandez Puñal de Araújo

Kathleen Yasmin de Almeida

Leonardo Bruno Mcagnan

Matheus Mangini Bertuzzo

Ricardo Boelter Moraes

Thais Alves do Amaral

### Professor Responsável:

Geison de Souza Izídio

### Organização e Revisão dos Anais:

Aline Nunes, Caroline Schmitz, Matheus Mangini Bertuzzo e Geison de Souza Izídio

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

S612a Simpósio de Integração das Pós-Graduações do Centro de Ciências Biológicas (7. : 2020 : Florianópolis)  
Anais do VII Simpósio de Integração das Pós-Graduações do Centro de Ciências Biológicas (CCB) [recurso eletrônico] : desafios e inovações das Ciências Biológicas em tempos de pandemia / comissão organizadora: Aline Nunes ... [et al.] ; organização e revisão dos anais: Caroline Schmitz, Matheus Mangini Bertuzzo, Geison de Souza Izídio. – Florianópolis : UFSC, 2020.  
86 p.  
  
E-book (PDF)  
ISBN 978-65-87206-50-9  
  
1. Ciências biológicas – Congressos. 2. Pandemias. I. Nunes, Aline. II. Schmitz, Caroline. III. Bertuzzo, Matheus Mangini. IV. Izídio, Geison de Souza. V. Título.  
  
CDU: 574/578

Elaborada pela bibliotecária Dênira Remedi – CRB-14/1396

Apoio:



Realização:





## VII Simpósio de Integração das Pós-Graduações do CCB

Desafios e Inovações das Ciências Biológicas em tempos de Pandemia



### PREFÁCIO

O Simpósio de Integração de Pós-Graduações (SIP) do Centro de Ciências Biológicas (CCB) da Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC) é um evento organizado pelos 11 Programas de Pós-Graduação CCB da UFSC: Biologia Celular e do Desenvolvimento, Biologia de Fungos, Algas e Plantas, Bioquímica, Biotecnologia e Biociências, Ciências Fisiológicas, Ecologia, Farmacologia, Neurociências, Mestrado Profissional em Farmacologia, Mestrado Profissional em Perícias Criminais Ambientais e Mestrado Profissional em Ensino de Biologia, que foram considerados áreas temáticas no SIP.

Nesta sétima edição, o evento ocorreu pela primeira vez em formato totalmente online nos dias 09, 10, 11 e 12 de dezembro de 2020. O objetivo principal do Simpósio de Integração é unir comunidade científica e não científica para debater diversos assuntos extremamente importantes para a sociedade, assim como, divulgar os trabalhos que vêm sendo realizados pelos pós-graduandos do CCB da UFSC e promover a interação entre eles.

Nos quatro dias de evento debateu-se sobre os temas: “Inovações e Tendências em Ciências Biológicas”; “Os impactos da pandemia na saúde mental”; “Os desafios para a equidade racial e de gênero na ciência”; “Ciência versus Fake News: como combater a desvalorização científica?”; “Mercado de trabalho além da academia”; “As inovações e tendências na pesquisa científica”; e “Política Ambiental no século XXI: as questões ambientais e o descaso no Brasil”. Diversos professores pesquisadores e profissionais das áreas biológicas foram convidados para abordar sobre esses assuntos tão importantes.

Como forma de apresentar o resultado final do VII SIP CCB, 77 resumos aceitos no evento estão publicados nesse documento, que podem servir para fomentar discussões acadêmicas nas diferentes áreas temáticas. Como um dos objetivos é trazer a interação entre os Programas de Pós-Graduação, os trabalhos não foram divididos em áreas e estão apresentados de maneira aleatória.

**Comissão Organizadora.**

Apoio:



Realização:





## SUMÁRIO

<b>SEX-DEPENDENT ROLE OF THE CD300F RECEPTOR IN ANXIETY: FINDINGS IN MICE AND HUMANS .....</b>	<b>10</b>
<b>PROTEÍNAS ANTICONGELANTES DE MICRORGANISMOS DE REGIÕES POLARES E NÃO POLARES: A RESPOSTA DA SOBREVIVÊNCIA A AMBIENTES DE FRIO EXTREMO .....</b>	<b>11</b>
<b>EFEITO DA DIETA À BASE DE <i>NAUPHOETA CINEREA</i> NO CRESCIMENTO, SISTEMA IMUNE, ATIVIDADE ENZIMÁTICA E CAPACIDADE ANTIOXIDANTE EM <i>LITOPENAEUS VANNAMEI</i>.....</b>	<b>12</b>
<b>MORPHOLOGICAL EVIDENCE OF NEUROTOXIC EFFECTS IN CHICKEN EMBRYOS AFTER EXPOSURE TO PYRIPROXYFEN .....</b>	<b>13</b>
<b>PRODUÇÃO DE COMPOSTOS FOTO-PROTETORES EM LEVEDURAS EXTREMÓFILAS RADIOTOLERANTES .....</b>	<b>14</b>
<b>ECOTOXICIDADE DO CASCALHO DE PERFURAÇÃO DE POÇOS DE PETRÓLEO ONSHORE.....</b>	<b>15</b>
<b>VACINA BCG RECOMBINANTE EXPRESSANDO EPÍTOPOS DE PROTEÍNAS TBDR, IDENTIFICADOS POR BIOINFORMÁTICA, PROTEGE CONTRA LEPTOSPIROSE .....</b>	<b>16</b>
<b>METHYLMERCURY TOXICITY IN CARDIOMYOCYTES DURING HEART DEVELOPMENT .....</b>	<b>17</b>
<b>PRODUTOS NATURAIS COMO POTENCIAIS FÁRMACOS ANTI-CHIKUNGUNYA VÍRUS.....</b>	<b>18</b>
<b>O QUE SABEM OS ESTUDANTES DO ENSINO MÉDIO SOBRE RESÍDUOS E MEIO AMBIENTE?.....</b>	<b>19</b>
<b>MECHANISM OF ACTION OF 1A,25(OH)<sub>2</sub>-VITAMIN D<sub>3</sub> ON ISOLATED RAT PANCREATIC ISLETS.....</b>	<b>20</b>
<b>ENVELHECIMENTO CELULAR E REDUÇÃO DA QUALIDADE DE VIDA ASSOCIADOS À EXPOSIÇÃO AÉREA AO TOLUENO.....</b>	<b>21</b>



<b>GUIA PARA SAÍDA DE CAMPO: CONTRIBUIÇÕES PARA ELABORAÇÃO DO PLANEJAMENTO .....</b>	<b>22</b>
<b>ASSOCIAÇÃO DE POLIMORFISMOS NO GENE <i>IL-10</i> E CÂNCER: UMA REVISÃO SISTEMÁTICA .....</b>	<b>23</b>
<b>REMONTAGEM DOS GENOMAS DE <i>EIMERIA</i> SPP. CAUSADORAS DE COCCIDIOSE AVIÁRIA.....</b>	<b>24</b>
<b>SECRETOMA DO <i>TRYPANOSOMA EVANSI</i> COMO ESTRATÉGIA PARA IDENTIFICAÇÃO DE BIOMARCADORES PARA DIAGNÓSTICO DA SURRA .....</b>	<b>25</b>
<b>MONTAGEM E ANOTAÇÃO DE GENOMAS DE <i>LEISHMANIA INFANTUM</i> DO SUL E NORDESTE BRASILEIRO.....</b>	<b>26</b>
<b>FEMINISTAS BIÓLOGAS NO ENSINO DE BIOLOGIA: REPENSANDO AS RELAÇÕES DE SEXO/GÊNERO .....</b>	<b>27</b>
<b>O VÍRUS DA ZIKA INFLUENCIA NO DESENVOLVIMENTO DOS OSSOS DA CALOTA CRANIANA.....</b>	<b>28</b>
<b>ANIMAL MODELS OF COMPLEX REGIONAL PAIN SYNDROME: A SYSTEMATIC REVIEW.....</b>	<b>29</b>
<b>EFEITOS DO ESTRESSE MECÂNICO NA GLICEMIA PÓS-PRANDIAL EM MODELO DE ZEBRAFISH PARA DIABETES TIPO2.....</b>	<b>30</b>
<b>ENVIRONMENTAL CONTAMINANTS CAN MODULATE THE IMMUNE SYSTEM OF INVERTEBRATES AND THEIR SUSCEPTIBILITY TO DISEASES.....</b>	<b>31</b>
<b>BIOINFORMÁTICA APLICADA À CIÊNCIA DOS ALIMENTOS.....</b>	<b>32</b>
<b>CLONAGEM E CARACTERIZAÇÃO DE B-GLICOSIDASES E TRANSPORTADORES DE CELOBIOSE E XILOBIOSE EM <i>SACCHAROMYCES CEREVISIAE</i>.....</b>	<b>33</b>
<b>BISPHENOL A IMPAIRS TESTICULAR ENERGY METABOLISM AND SPERMATOGENESIS IN THE ZEBRAFISH .....</b>	<b>34</b>



<b>RESISTED LADDER CLIMBING IMPROVES MUSCLE STRENGTH, ANXIOUS-DEPRESSIVE BEHAVIOR, AND MECHANICAL HYPERALGESIA OF MICE .....</b>	<b>35</b>
<b>FERRAMENTA INTEGRADA PARA ANOTAÇÃO DE PROTEÍNAS HIPOTÉTICAS: ESTUDO DE CASO EM <i>TRYPANOSOMA RANGELI</i>.....</b>	<b>36</b>
<b>CANAIS EDUCATIVOS DE BIOLOGIA NO <i>YOUTUBE</i>: UMA REVISÃO EM EVENTOS DA ÁREA DE ENSINO.....</b>	<b>37</b>
<b>ÁREA BÁSICA DE INGRESSO PARA FORMAÇÃO DE PROFESSORES: ANALISANDO O CENSO DA EDUCAÇÃO SUPERIOR.....</b>	<b>38</b>
<b>EVOLUÇÃO DO DESMATAMENTO NA AMAZÔNIA E A RELAÇÃO COM A POLÍTICA DO AGRONEGÓCIO.....</b>	<b>39</b>
<b>IMPÁCTO DO CONSUMO DE DIFERENTES CONCENTRAÇÕES DE FRUTOSE EM PARÂMETROS METABÓLICOS E COMPORTAMENTAIS EM CAMUNDONGOS .....</b>	<b>40</b>
<b>MECANISMOS DE RESISTÊNCIA AO TRATAMENTO COM TRASTUZUMABE EM MULHERES COM CÂNCER DE MAMA HER2+ .....</b>	<b>41</b>
<b>EDUCAÇÃO AMBIENTAL COMO FERRAMENTA CONTRA O TRÁFICO DE ANIMAIS SILVESTRES .....</b>	<b>42</b>
<b>FITOTOXICIDADE DE EXTRATOS AQUOSOS OBTIDOS DE RESÍDUOS AGROINDUSTRIAIS APLICADOS EM PEPINO (<i>C. SATIVUS</i>).....</b>	<b>43</b>
<b>IDENTIFICAÇÃO IN SÍLICO DE BACTERÍOFAGOS A PARTIR DE TRÊS ABORDAGENS DE CLASSIFICAÇÃO .....</b>	<b>44</b>
<b>SYSTEMATIC REVIEW AND META-ANALYSIS OF <i>HUMAN LEUKOCYTE ANTIGEN G</i> +3142 C/G POLYMORPHISM AND DISEASES .....</b>	<b>45</b>
<b><i>HLA-G</i> +3187 A/G POLYMORPHISM AND PATHOLOGICAL CONDITIONS: EVIDENCES FROM A SYSTEMATIC REVIEW AND META-ANALYSIS .....</b>	<b>46</b>
<b>DISFUNÇÃO CARDÍACA NA SEPSE: O ENVOLVIMENTO DOS DISCOS INTERCALARES.....</b>	<b>47</b>



REDUÇÃO DE SALMONELLA ENTERITIDIS EM CAMAS DE AVIÁRIO COM USO DE UM BACTERIÓFAGO LÍTICO .....	48
MODULATION OF <i>MAP1LC3</i> DURING DEVELOPMENT OF <i>MACROBRACHIUM OLFERSII</i> AND AFTER EXPOSURE TO UVB RADIATION .....	49
PEN6: O MAIS NOVO MEMBRO DA FAMÍLIA DE PEPTÍDEOS ANTIMICROBIANOS PENEIDINAS.....	50
LINOLEIC ACID TOLERANCE OF LACTOBACILLUS DELBRUECKII SUBSP. BULGARICUS 2230 OLEH-OVEREXPRESSING <i>E. COLI</i> .....	51
DISFUNÇÃO ORGÂNICA INDUZIDA POR CHOQUE HEMORRÁGICO EM RATOS .....	52
GENÔMICA COMPARATIVA DE SOROVARES DE <i>LEPTOSPIRA INTERROGANS</i> COM ENFOQUE EM FATORES DE VIRULÊNCIA.....	53
MOMETASONE FUROATE ADMINISTERED ORALLY PRESENT MINOR ADVERSE EFFECTS ON THE RAT GLUCOSE METABOLISM.....	54
PERCEPÇÕES DE ALUNOS DO ENSINO MÉDIO SOBRE EVOLUÇÃO HUMANA .....	55
CONTAMINAÇÃO EM CULTIVO CELULAR: UMA REVISÃO DE BOAS PRÁTICAS NO LABORATÓRIO .....	56
AVALIAÇÃO BIOTECNOLÓGICA DE EXTRATOS DE ERVA-MATE COMO POTENCIAL TERAPÊUTICO À PELE .....	57
BIOREMEDIÇÃO DO CORANTE VERDE DE MALAQUITA POR LACASES .....	58
PERFIL INFLAMATÓRIO E OXIDATIVO DE AGRICULTORES EXPOSTOS OCUPACIONALMENTE À AGROTÓXICOS NO MUNICÍPIO DE MARAVILHA/SC.....	59
AVALIAÇÃO DO RESISTOMA DE PACIENTES EXPOSTOS AO AMBIENTE HOSPITALAR .....	60
IMPACTOS DO CORONAVÍRUS SARS-COV-2 NA FERTILIDADE HUMANA .....	61



<b>ENVOLVIMENTO DE UBC9/BECLINA-1 EM UM MODELO ANIMAL DA DOENÇA DE HUNTINGTON.....</b>	<b>62</b>
<b>AVALIAÇÃO DO DESENVOLVIMENTO EMBRIONÁRIO EM FERTILIZAÇÃO <i>IN VITRO</i> DE PACIENTES COM DIFERENTES PERFIS .....</b>	<b>63</b>
<b>ECTOENZIMAS PURINÉRGICAS EM LINFÓCITOS E PLAQUETAS DE PACIENTES COM CÂNCER DE CABEÇA E PESCOÇO.....</b>	<b>64</b>
<b>FUNGOS EXTREMÓFILOS DA ANTÁRTICA, POTENCIAL NA PRODUÇÃO DE PIGMENTOS E SUAS APLICAÇÕES.....</b>	<b>65</b>
<b><i>IL-10</i> -1082 A/G (rs1800896) E LÚPUS ERITEMATOSO SISTÊMICO: REVISÃO SISTEMÁTICA E METANÁLISE.....</b>	<b>66</b>
<b>QUATRO NOVAS ESPÉCIES DE <i>ASEMEIA</i> (POLYGALACEAE) NO ESTADO DE GOIÁS, BRASIL.....</b>	<b>67</b>
<b>EFEITOS DA RADIAÇÃO UVB NO CONTROLE DE QUALIDADE MITOCONDRIAL EM EMBRIÕES DE <i>MACROBRACHIUM OLFERSII</i>.....</b>	<b>68</b>
<b>CAN A BACTERIA REDUCE HYPERACTIVITY AND ANXIETY?.....</b>	<b>69</b>
<b>EFEITO BIOESTIMULANTE DE HIDROLISADO PROTEICO DE MICROALGAS EM GERMINAÇÃO DE SEMENTES DE TOMATES.....</b>	<b>70</b>
<b>CHICK EMBRYO AS A MODEL FOR EMBRYOTOXICITY STUDIES .....</b>	<b>71</b>
<b>DESENVOLVIMENTO DE PLASMÍDEO <i>DUAL REPORTER</i> PARA DETERMINAÇÃO DE TROPISMO TISSULAR DE <i>TRYPANOSOMA RANGELI</i> EM MAMÍFEROS .....</b>	<b>72</b>
<b>AQUACULTURA MULTITRÓFICA INTEGRADA – UMA ALTERNATIVA SUSTENTÁVEL PARA A TRANSFORMAÇÃO DE RESÍDUOS EM BIOMOLÉCULAS DE ELEVADO VALOR ECONÔMICO.....</b>	<b>73</b>
<b>NEW PERSPECTIVE OF INDUCTION MODEL WITH RESERPINE: ADVANCES IN THE STUDY OF FM .....</b>	<b>74</b>





<b>RECONSTRUÇÃO DO MODELO METABÓLICO À ESCALA GENÔMICA PARA A MICROALGA <i>Haematococcus pluvialis</i>.....</b>	<b>75</b>
<b>AVALIAÇÃO MORFOMÉTRICA DOS OVÓCITOS DE <i>MACROBRACHIUM POTIUNA</i> EXPOSTOS AO ROUNDUP WG .....</b>	<b>76</b>
<b>PDE3 INHIBITION ON THE EXPERIMENTAL SEPSIS MODEL.....</b>	<b>77</b>
<b>2,4-DICHLOROPHENOXYACETIC ACID AND THE EVIDENCE FOR ENDOCRINE DISRUPTION: A BRIEF REVIEW.....</b>	<b>78</b>
<b>IDENTIFICAÇÃO <i>IN SILICO</i> DE EPÍTOPOS CONSERVADOS DE SARS-CoV-2.....</b>	<b>79</b>
<b>PREFERÊNCIA CONDICIONADA AO LUGAR INDUZIDA POR ALIMENTO PALATÁVEL EM CAMUNDONGOS: COMPARAÇÃO ENTRE SEXOS .....</b>	<b>80</b>
<b>REPOSICIONAMENTO DE FÁRMACOS PARA COVID-19 A PARTIR DE ANÁLISES DE BIOLOGIA DE SISTEMAS.....</b>	<b>81</b>
<b>ESTATINAS NA REPRODUÇÃO MASCULINA E NA QUALIDADE ESPERMÁTICA: UMA REVISÃO CRÍTICA DA LITERATURA .....</b>	<b>82</b>
<b>IMPLEMENTAÇÃO DE NOVOS AGLOMERANTES ÀS CONSTRUÇÕES BRASILEIRAS COMO OBJETIVO DE DESENVOLVIMENTO SUSTENTÁVEL (ODS) .....</b>	<b>83</b>
<b>CONTAMINAÇÃO DE AMBIENTES DE ÁGUA DOCE ACIMA DO AQUÍFERO GUARANI .....</b>	<b>84</b>
<b>PARTICIPAÇÃO NO ÓXIDO NÍTRICO DERIVADO DA NOS-1 (nNOS) NA DISFUNÇÃO MUSCULAR ESQUELÉTICA SEPSE.....</b>	<b>85</b>
<b>AVALIAÇÃO <i>IN SILICO</i> DA ESTRUTURA BACTERIANA DE DRENAGENS ÁCIDA DE MINAS POR META-TAXONOMIA .....</b>	<b>86</b>



## SEX-DEPENDENT ROLE OF THE CD300F RECEPTOR IN ANXIETY: FINDINGS IN MICE AND HUMANS

Fernanda N. Kaufmann<sup>1\*</sup>, Natalia Lago<sup>2</sup>, Gabriele Ghisleni<sup>3</sup>, Hugo Peluffo<sup>2</sup> and Manuella P. Kaster<sup>4</sup>

<sup>1</sup>CERVO Brain Research Center, Université Laval, Quebec City, Quebec, Canada - \*nandafnk@gmail.com

<sup>2</sup>Neuroinflammation and Gene Therapy Laboratory, Institut Pasteur de Montevideo, Montevideo, Uruguay

<sup>3</sup>Department of Life and Health Sciences, Catholic University of Pelotas, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brazil

<sup>4</sup>Department of Biochemistry, Federal University of Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brazil

### Abstract

Generalized Anxiety Disorder (GAD) presents a high prevalence in the population, leading to distress and disability. Immune system alterations have been associated with anxiety-related behaviors in rodents and GAD patients. In this context, the CD300f immune receptors are highly expressed in microglia and participate not only in the modulation of immune responses but in pruning and reshaping of synapses. It was recently demonstrated that CD300f might be influential in the pathogenesis of depression in a sex-dependent manner. Here, we evaluated the role of CD300f immune receptor in anxiety, using CD300f knockout mice (CD300f<sup>-/-</sup>) and patients with GAD. This study was approved by Catholic University of Pelotas (2010/15) and Institut Pasteur of Montevideo (014-16) Ethics Committees. We observed that male CD300f<sup>-/-</sup> mice had numerous behavioral changes associated with a low-anxiety phenotype, including increased open field central locomotion and rearing behaviors, more exploration in the open arms of the elevated plus-maze test, and decreased latency to eat in the novelty suppressed feeding test. CD300f<sup>-/-</sup> female mice did not present any behavioral alteration associated to anxiety. In a cross-sectional population-based study, including 1,111 subjects, we evaluated a common single-nucleotide polymorphism rs2034310 (C/T) in the cytoplasmic tail of CD300f gene in individuals with GAD. Notably, we observed that the T allele of the rs2034310 polymorphism conferred protection against GAD in men, even after adjusting for confounding variables. Overall, our data demonstrate that CD300f immune receptors are involved in the modulation of pathological anxiety behaviors in a sex-dependent manner. The biological basis of these sex differences is still poorly understood, but it may provide significant clues regarding the neuropathophysiological mechanisms of GAD and can pave the way for future specific pharmacological interventions.

**Keywords:** Anxiety, immune system, CD300f receptors, polymorphism



## PROTEÍNAS ANTICONGELANTES DE MICRORGANISMOS DE REGIÕES POLARES E NÃO POLARES: A RESPOSTA DA SOBREVIVÊNCIA A AMBIENTES DE FRIO EXTREMO

Joana Camila Lopes<sup>1\*</sup>, Rubens Tadeu Delgado Duarte<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Microbiologia e Parasitologia, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*joanacamilalopes@hotmail.com

### Resumo

Ecossistemas com temperaturas permanentemente ou sazonalmente abaixo de zero abrigam microrganismos que toleram a falta de água líquida para o metabolismo, bem como espécies resistentes ao congelamento. Algumas proteínas foram identificadas como inibidoras de formação de gelo intracelular, denominadas de proteínas anticongelantes (AFP). Estas proteínas têm ação na modificação da estrutura do cristal de gelo, diminuem o ponto de congelamento e inibem a atividade de recristalização. As AFPs foram encontradas e descritas em uma variedade de organismos, sobretudo aqueles adaptados ao frio. Nesta revisão, discutimos o uso de AFP como estratégia de sobrevivência de microrganismos em ambientes extremamente frios. Foram encontrados 66 microrganismos produtores de AFP descritos em literatura até o mês de setembro de 2020, sendo que 6 foram de estudos genômicos ou metagenômicos e 60 foram de estudos de isolamento e identificação. Para algas as classes dominantes foram Chrysophyceae (3 espécies), Bacillariophyceae (3 espécies), Chlamydomonadaceae (2 espécies) e Pyramimonadophyceae (1 espécie). Para bactérias as classes dominantes foram Gammaproteobacteria (28 espécies), Actinobacteria (6 espécies), Flavobacteria (3 espécies), e Alphaproteobacteria (2 espécies). Para os fungos apenas os filos Basidiomycota (5 espécies) e Ascomycota (2 espécies) apresentaram organismos produtores de AFP. Os resultados indicaram que 23 isolados estão localizados na Antártica e 14 isolados estão localizados no Ártico. Até o momento AFPs de quatro microrganismos polares foram produzidas e aplicadas em produtos de caráter biotecnológico (*Pseudomonas*, *Platibacter*, *Sphingomonas* e *Leucosporidium*). Considerando a grande biodiversidade microbiana já relatada nos ambientes frios, o número de microrganismos produtores de AFP nestas regiões ainda é pouco representativo. A prospecção de microrganismos psicrófilos é, portanto, uma importante fonte para exploração de novas AFP com potencial biotecnológico.

**Palavras-chave:** microrganismos, proteínas anticongelantes, psicrófilos, Antártica.



## EFEITO DA DIETA À BASE DE *NAUPHOETA CINEREA* NO CRESCIMENTO, SISTEMA IMUNE, ATIVIDADE ENZIMÁTICA E CAPACIDADE ANTIOXIDANTE EM *LITOPENAEUS VANNAMEI*

Cristina Rios<sup>1\*</sup>, Ingrid Selhorst<sup>1</sup>, Alcir Dafre<sup>1</sup>, Carlos Peres Silva<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Departamento de Bioquímica, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, SC, Brasil - \*crisaqi1@gmail.com

### Resumo

Um dos grandes entraves da produção do camarão branco-do-pacífico, *Litopenaeus vannamei*, além da fácil disseminação de agentes patogênicos é o alto custo dos insumos com a alimentação. Na nutrição de espécies aquícolas, é utilizado a farinha de peixe como principal ingrediente proteico, no entanto, busca-se fontes alternativas de proteínas sustentáveis e econômicas. Com isso, tem-se elaborado estudos com uso de farinha de inseto na alimentação de camarões. Este trabalho tem por objetivo avaliar o desempenho zootécnico, o perfil de enzimas digestivas, os parâmetros de estresse oxidativo, imunológicos e microbiológicos de camarões juvenis da espécie *Litopenaeus vannamei* (n=36) alimentados com farinha do inseto *Nauphoeta cinerea* (NC), em diferentes níveis de substituição (25%, 50%, 75% e 100%) e uma dieta controle utilizando apenas a farinha de peixe. Após período de alimentação foi avaliado o desempenho zootécnico dos animais, como ganho de peso final e a sobrevivência. Além deste, foi coletado, o hepatopâncreas dos animais para avaliar o perfil de enzimas digestivas por meio das atividades do tipo tripsina, quimotripsina e amilases, e das enzimas do sistema antioxidantes catalase e superóxido dismutase, assim como fracionamento da atividade amilásica por zimograma. A coleta da hemolinfa foi realizada para avaliar parâmetros imunológicos como a Contagem Total de Hemócitos (THC), concentração total de proteínas do soro, atividade da enzima fenoloxidase (PO) e a capacidade aglutinante do soro. Os resultados demonstraram que não houve diferença significativa entre os tratamentos e o controle em nenhum dos parâmetros analisados. Apesar disso, os dados obtidos no desempenho zootécnico com ganho de peso de  $2,60 \pm 0,74$  g (média,  $\pm$  desvio padrão) a taxa de crescimento e a taxa de sobrevivência não foram alterados com a substituição da farinha de inseto na dieta dos camarões. Em conclusão, sugere-se que a farinha de *N. cinerea* pode ser substituir a farinha de peixe na alimentação dos camarões sem causar prejuízos no desempenho zootécnico, e na saúde dos animais.

**Palavras-chave:** *Litopenaeus vannamei*, nutrição, enzimas, insetos.

**Agradecimentos:** Roseane L. Panini, Jaqueline Da Rosa Coelho, Karolina Vitória Rosa, Norha C. B. Ramírez, Maria Fernanda Oliveira da Silva, Felipe Nascimento Vieira, Debora Machado Fracalossi.



## MORPHOLOGICAL EVIDENCE OF NEUROTOXIC EFFECTS IN CHICKEN EMBRYOS AFTER EXPOSURE TO PYRIPROXYFEN

Maico Roberto Luckmann Rodrigues da Silva<sup>1,4\*</sup>, Mirian Celene Spricigo<sup>1,2</sup>, Norma Machado da Silva<sup>3,4</sup>, Evelise Nazari<sup>1,4</sup>

<sup>1</sup> Laboratório de Reprodução e Desenvolvimento Animal, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*maicooroberto@gmail.com

<sup>2</sup> Curso de Graduação em Biologia, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil

<sup>3</sup> Laboratório de Genética Evolutiva, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil

<sup>4</sup> Programa de Pós-Graduação em Biologia Celular e do Desenvolvimento, Centro de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil

### Abstract

Pyriproxyfen (PPF) ( $C_{20}H_{19}NO_3$ ) is an analogous to the juvenile hormone of insects, used as larvicide placed in drinking water to control the proliferation of disease-transmitting mosquitoes. Due to an increase in cases of microcephaly in newborns in Brazil (in 2015), PPF was considered as one of the possible causes. To investigate the neurotoxic potential of PPF, this research investigated its effects on the body and brain morphology of *Gallus domesticus* embryos as an experimental model. Then, fertile eggs were incubated at 37.5°C temperature and 65% humidity (CEUA-UFSC protocol No. 5843231018). Sublethal concentrations of 0.01 mg/L PPF ( $n = 34$ ) and 10 mg/L PPF ( $n = 34$ ) used in the study, were defined by a survival curve previously. Non-exposed embryos were used as controls ( $n = 26$ ). PPF exposure was performed *in ovo* after 24 h of incubation, which corresponds to the embryonic age (E1), and the embryos were analyzed in E10. Body mass and embryo length were recorded prior to the dissection of the brain. The brain was weighed and submitted to the histological routine, which consisted of determining the total brain, forebrain, and midbrain morphometries. For the analysis of head ossification centers, a histochemistry reaction was performed. Morphometric analyses indicated a significant reduction in body and brain mass in the groups exposed to PPF, but no change in embryo length was observed. From brain measurements, a significant reduction in the width of the entire brain was observed in embryos exposed to a concentration of 10 mg/L of PPF. Regarding the morphometry of the cerebral vesicles, a reduction in the width and height of the forebrain was observed in the groups exposed to the two concentrations of PPF. In addition to these results, a significant reduction in total width was observed in the midbrain, accompanied by a reduction in thickness in the rostral, caudal, and tectum regions of the midbrain. Finally, the analyses at E10 did not indicate an increase in ossification centers in the head. The results showed that *in ovo* exposure induced morphometric changes that can compromise brain development.

**Keywords:** vertebrate, larvicide, central nervous system, morphometry.



## PRODUÇÃO DE COMPOSTOS FOTO-PROTETORES EM LEVEDURAS EXTREMÓFILAS RADIOTOLERANTES

Marianne Gabi Kreusch<sup>1\*</sup>, Rubens Tadeu Delgado Duarte<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Microbiologia, Imunologia e Parasitologia, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*marianne.gabi@gmail.com

### Resumo

Apesar de essencial à vida na Terra, a radiação ultravioleta pode resultar em efeitos adversos aos seres vivos. Altas doses de radiação ultravioleta podem levar a danos diretos, atingindo ácidos nucleicos e demais biomoléculas, bem como a danos indiretos, através da promoção de espécies reativas de oxigênio. A incidência de radiação ultravioleta varia na superfície do nosso planeta, sendo intensificada em regiões de baixa latitude e alta elevação. Nestes locais, a radiação torna-se um parâmetro ambiental restritivo — promovendo a seleção de espécies extremófilas. Para sobreviver aos efeitos deletérios da exposição à radiação, os microrganismos extremófilos radiotolerantes desenvolveram diferentes mecanismos de proteção, dentre os quais a produção e o acúmulo de compostos foto-protetores. Os compostos foto-protetores podem atuar na proteção dos microrganismos como sistemas antioxidativos para reduzir o acúmulo de espécies reativas de oxigênio, bem como refletindo ou absorvendo comprimentos de onda no espectro da radiação ultravioleta. Os compostos foto-protetores extracelulares são acumulados na parede celular, servindo como uma barreira inicial frente aos raios ultravioleta, enquanto os compostos intracelulares são acumulados no citoplasma, absorvendo variados espectros da radiação. A melanina é o composto foto-protetor extracelular mais bem estudado, enquanto os carotenoides e micosporinas são exemplos de compostos intracelulares. Nos últimos anos, novos artigos têm revelado não apenas os mecanismos celulares, moleculares e fisiológicos por trás dos compostos foto-protetores, como também seu potencial biotecnológico, especialmente em alternativa aos protetores solares sintéticos, com considerável potencial para aplicação farmacêutica, cosmética e medicinal. As leveduras — microrganismos eucariotos de grande versatilidade metabólica — apresentam um elevado número de espécies extremófilas e, mais especificamente, radiotolerantes. Apresentando um ciclo de vida simples e relativamente curto, as leveduras são microrganismos apropriados para o cultivo *in vitro* em laboratório, e a produção biotecnológica de compostos foto-protetores derivados destes microrganismos pode vir a se tornar uma realidade comum nos próximos anos.

**Palavras-chave:** radiação ultravioleta, melanina, carotenoides, micosporinas.



## ECOTOXICIDADE DO CASCALHO DE PERFURAÇÃO DE POÇOS DE PETRÓLEO ONSHORE

Dara Crislaine Muniz Velho Pereira da Cruz<sup>1\*</sup>, Nádia da Silva<sup>1</sup>, Simone Fontoura<sup>1</sup>, Everaldo Zonta<sup>2</sup>, Julia Carina Niemeyer<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Programa de Pós-Graduação em Ecossistemas Agrícolas e Naturais (PPGEAN), Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC), Campus de Curitibaanos, SC, Brasil - \*daracrislainemvpc@gmail.com

<sup>2</sup>Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (UFRRJ), Seropédica, RJ, Brasil

### Resumo

O cascalho de perfuração de poços de petróleo é um dos resíduos produzidos durante a exploração petrolífera, e sua destinação apresenta um desafio tanto da perspectiva econômica como ambiental. A aplicação no solo apresenta-se como uma alternativa de deposição, por apresentar características químicas de interesse para o setor agrícola e florestal. Entretanto, esse resíduo também apresenta potencial contaminante, devido à presença de substâncias como Na e Ba, o que pode ocasionar impactos sobre ecossistemas terrestres e aquáticos. Para analisar a viabilidade de reuso sob a perspectiva ambiental, foram avaliadas concentrações de cascalho (1 a 15%) em solo artificial tropical, utilizamos os ensaios de ecotoxicidade com invertebrados do solo e espécies vegetais, seguindo normas ABNT ou ISO com algumas adaptações: reprodução com colêmbolos (*Folsomia candida* e *Proisotoma minuta*) e enquitreídeos (*Enchytraeus crypticus*), ensaios de fuga com colêmbolos (*F. candida*), ensaios de crescimento da macrófita aquática (*Lemna minor*), e germinação e crescimento de bracatinga (*Mimosa scabrella*). Para a análise de dados de fuga utilizou-se o teste de Fisher ( $p < 0,05$ ); os ensaios de reprodução, crescimento e germinação foi por meio da Análise de Variância (ANOVA), seguida do teste de Dunnett ( $p < 0,05$ ), comparando o desempenho dos organismos-teste nos tratamentos com o controle (sem adição de cascalho). Os resultados preliminares indicaram que concentrações acima de 5% causam efeitos, principalmente para o sistema radicular das plantas, enquanto que, dentre os invertebrados, a espécie de colêmbolos *P. minuta* apresentou a maior sensibilidade, com redução significativa da população a partir de 5% de cascalho em solo. As avaliações ecotoxicológicas indicaram que a aplicação do cascalho pode gerar impactos ao ecossistema a depender da concentração. Recomenda-se avaliações de campo com as doses abaixo de 5% para verificar se pode haver efeitos sobre o ecossistema solo quando aplicado ao solo natural.

**Palavras-chave:** Ecotoxicologia do solo, invertebrados, resíduo, salinidade.



## VACINA BCG RECOMBINANTE EXPRESSANDO EPÍTOPOS DE PROTEÍNAS TBDR, IDENTIFICADOS POR BIOINFORMÁTICA, PROTEGE CONTRA LEPTOSPIROSE

Amanda Silva Hecktheuer<sup>1\*</sup>; Everton Burlamarque Bettin<sup>2</sup>; Jessica Dorneles<sup>2</sup>;  
Odir Antônio Dellagostin<sup>2</sup> e Thaís Larré Oliveira<sup>2</sup>.

<sup>1</sup>Departamento de Microbiologia, Imunologia e Parasitologia, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*amandasheck@hotmail.com

<sup>2</sup>Centro de Desenvolvimento Tecnológico, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil

### Resumo

A leptospirose é uma doença causada por bactérias do gênero *Leptospira* spp., sendo considerada a maior zoonose em termos de morbidade e mortalidade no mundo. Vacinas comerciais contra a doença fornece proteção de curta duração e apenas contra sorovares incluídos na formulação. Uma vacina universal contra a leptospirose deve incluir epítomos expostos na superfície, conservados entre as espécies patogênicas e capazes de gerar uma resposta imune esterilizante. A utilização do *Mycobacterium bovis* BCG como vetor vacinal vivo, expressando antígenos recombinantes de *Leptospira*, é uma alternativa promissora, devido suas propriedades adjuvantes. Dentre potenciais alvos vacinais previamente descritos contra a leptospirose, encontram-se as proteínas receptoras dependentes de TonB (TBDR). O objetivo deste trabalho foi avaliar uma cepa de BCG recombinante, expressando um antígeno vacinal composto por epítomos de proteínas TBDR selecionados por abordagem estrutural, quanto à sua capacidade protetora contra leptospirose. Três proteínas TBDR foram selecionadas e seus epítomos de células T e B foram identificados e mapeados, *in silico*, em modelos tridimensionais gerados por *threading*. Dez segmentos externos à membrana do patógeno, potencialmente imunogênicos e conservados em espécies patogênicas foram identificados e utilizados na construção do antígeno vacinal. A sequência codificadora foi sintetizada quimicamente e inserida no vetor de expressão em micobactéria pUP500/pAN, compatível ao padrão Biobricks®. Posteriormente, a construção recombinante foi utilizada para transformação da cepa *M. bovis* BCG Pasteur por eletroporação e os clones recombinantes cultivados em meio seletivo. As cepas de *M. bovis* BCG recombinante (pUP500/pAN:TBDR) e BCG Pasteur (controle negativo) foram cultivadas até atingirem DO<sub>600nm</sub> superior a 0,6. Para avaliação da capacidade imunoprotetora, hamsters (n=10) receberam 10<sup>6</sup> UFC da vacina recombinante ou do controle negativo. Uma dose reforço foi dada após intervalo de 21 dias. O desafio foi realizado utilizando 5xDL<sub>50</sub> de *L. interrogans* sorovar *Copenhageni* cepa Fiocruz L1-130, 30 dias após a segunda dose. No grupo vacinado com BCG recombinante, 100% dos animais sobreviveram ao desafio, constituindo proteção significativa comparado ao grupo controle. O experimento foi repetido, gerando o mesmo resultado. Em ambos experimentos, não foram detectadas leptospiros nos rins dos animais sobreviventes, por cultura e qPCR, sugerindo uma imunidade esterilizante. A abordagem estrutural, aplicada de forma inédita, demonstra ser eficaz na indução de uma resposta imune contra regiões proteicas expostas e conservadas, sendo uma promissora estratégia vacinal. Como perspectiva, pretende-se avaliar a resposta humoral e celular induzida pela formulação, bem como proteção contra desafio heterólogo.

**Palavras-chave:** Zoonose, *Leptospira*, *Mycobacterium bovis*, Vacinologia Estrutural.





## METHYLMERCURY TOXICITY IN CARDIOMYOCYTES DURING HEART DEVELOPMENT

Nathália Ronconi Zilli Krüger<sup>1\*</sup>, William dos Santos<sup>1</sup>, Carmem Simioni<sup>1</sup>, Evelise Maria Nazari<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Reprodução e Desenvolvimento Animal, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*nathaliarzk@gmail.com

### Abstract

The development of the heart involves beautiful and complex events. This four-cavity organ, derived from the mesoderm, begins as a single chamber tubular structure. This is the first functional organ in vertebrate embryos, pumping blood even as a single chamber. Methylmercury (MeHg), is a toxic form of organic mercury that can cause disturbances in embryonic development, which lead to tissue, cellular and behavioral changes in individuals. However, the effect of MeHg on the development of the heart is still poorly understood. Thus, the aim of this study was to investigate the effects of MeHg on the cellular organization of the ventricular wall cardiomyocytes, using embryos of *Gallus domesticus* as experimental model. Fertilized eggs were incubated at 37.5°C ( $\pm 0.5$ ) and 65% humidity. At 33 hours of incubation (E1.5, heart with a single chamber), embryos were exposed *in ovo* to 0.1  $\mu\text{g}$  MeHg/50  $\mu\text{L}$  saline solution, being analyzed at 10<sup>th</sup> embryonic day (E10, heart with four chambers) (n = 45). Control embryos were exposed to 50  $\mu\text{L}$  of saline solution at E1.5 and analyzed at E10 (n = 45) (Ethics Committee of the Federal University of Santa Catarina, CEUA - protocol 5843231018). For morphological analysis, the heart was submitted to light microscopy and transmission electron microscopy techniques. About 60% of embryos exposed to MeHg showed changes in the tissue organization of the heart. MeHg induced in 100% of exposed embryos, the appearance of ultrastructural changes in the ventricular trabeculae, as well as subcellular changes in mitochondria (dilations in mitochondria ridges), increase in perinuclear space and increase in the number of vesicles (electrontransparent, electrondense and autophagic). In addition, a significant reduction in heartbeat was observed after treatment with MeHg ( $75.94 \pm 27.3$  beats/min) compared to the control ( $103.66 \pm 34.0$  beats/min). The results demonstrated that exposure to a single dose of 0.1  $\mu\text{g}$  MeHg *in ovo* induced tissue, cellular and subcellular damage to the ventricular walls, which synergistically resulted in a reduction in heartbeat, which undoubtedly compromises the blood supply necessary for embryonic development.

**Keywords:** Embryotoxicity, cardiac ventricles, morphology, heartbeat.



## PRODUTOS NATURAIS COMO POTENCIAIS FÁRMACOS ANTI-CHIKUNGUNYA VÍRUS

Catielen Paula Pavi<sup>1\*</sup>, Izabella Thaís da Silva<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Virologia Aplicada, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil -  
\*catielen.p@gmail.com

### Resumo

O Chikungunya vírus é uma arbovirose transmitida por *Aedes aegypti* e *Ae. albopictus* e vem causando surtos em diferentes locais do mundo nos últimos anos. A doença possui fases aguda e crônica, onde predomina a artralgia. É considerado um problema de saúde pública e, além disso, não estão disponíveis fármacos antivirais específicos para o tratamento. O objetivo do trabalho foi realizar um levantamento bibliográfico entre as recentes descobertas de produtos naturais com potencial antiviral contra o Chikungunya. A metodologia contemplou uma revisão bibliográfica do Estado da arte do assunto. Os resultados apontam a presença de compostos bioativos em diversas plantas, que em sua maioria afetam algumas das etapas do ciclo de replicação viral. Os extratos etanólicos e metanólicos de *Kalanchoe pinnata*, *Ampelocissus tomentosa* e *Paris polyphylla* inibiram a replicação viral de maneira significativa por conterem saponinas, cumarinas e alcaloides, respectivamente. A espécie *Mammea Americana* também apresentou diferentes compostos identificados como cumarinas, que demonstraram resultados semelhantes. A curcumina, um dos principais constituintes da espécie *Curcuma longa*, utilizada popularmente na culinária, inibiu a etapa de adsorção do vírus às células hospedeiras. Resultados semelhantes foram observados utilizando os flavonóides baicaleína, fisetina e quercetagetina, enquanto que o galato de epigalocatequina derivado do chá verde teve efeito no envelope viral, inviabilizando a replicação. Há documentação de compostos que agem no vírus após sua entrada na célula hospedeira. *Andrographis paniculate* demonstrou possuir o diterpenoide denominado andrografólido, que agiu inibindo o vírus. Efeito semelhante foi observado com a ação da digoxina, um glicosídeo cardiotônico. O silvestrol, derivado de *Aglaia foveolate* inibiu a tradução do RNA mensageiro viral do Chikungunya. Já o composto harringtonina, derivado de *Cephalotaxus harringtonia*, inibiu a replicação viral antes da produção do RNA, bem como a síntese proteica. A espécie *Silybum marianum* contém silimarina, um complexo de flavonolignanas e flavonoides que foi capaz de diminuir a síntese de RNA viral, além de afetar a síntese proteica do Chikungunya. Fica claro, portanto, que as plantas são fontes importantes de produtos naturais e que esses apresentam potencial na inibição do Chikungunya por inúmeros mecanismos distintos. Esses resultados servem como base para o desenvolvimento de fármacos antivirais específicos no tratamento da febre Chikungunya, atendendo a demanda da sociedade para mais essa infecção viral de importância global.

**Palavras-chave:** Chikungunya vírus, produtos naturais, fármacos, antivirais.



## O QUE SABEM OS ESTUDANTES DO ENSINO MÉDIO SOBRE RESÍDUOS E MEIO AMBIENTE?

Nathali Parise Taufer<sup>1\*</sup>, Vitória Boemo<sup>2</sup>, Leonardo Avelhaneda Hendges<sup>2</sup>, Lílian Rodrigues dos Santos<sup>2</sup>, Nára Beatriz Chaves Alves<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Células-Tronco e Regeneração Tecidual, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*nathaliptaufer@gmail.com

<sup>2</sup>Laboratório de Ensino de Ciências da Natureza: Biologia, Física e Química, Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, Rio Grande do Sul, Brasil

<sup>3</sup>Departamento de Ensino, Colégio Politécnico da Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, Rio Grande do Sul, Brasil

### Resumo

O descarte incorreto de resíduos, somado ao padrão de consumo humano e à falta de conhecimento da sociedade sobre os impactos gerados por eles são fatores que originam uma grave problemática ambiental. Além das consequências diretas, ou seja, as poluições hídrica, atmosférica, visual e do solo, temos também efeitos indiretos e igualmente preocupantes, tais como: morte da fauna, produção de vetores e doenças, alagamentos e contaminação de alimentos. Apesar da temática resíduos ser interdisciplinar e não obrigatória no currículo escolar, geralmente é o professor de Biologia/Ciências o responsável por abordar o assunto, uma vez que envolve diversos conteúdos da disciplina. Sabe-se que a informação e o estímulo são a chave para a mudança de hábitos, e que os alunos costumam ser o melhor público-alvo para se promover reflexão e sensibilização. Diante disso, o presente trabalho teve como principal objetivo verificar o entendimento de estudantes do primeiro ano do ensino médio regular noturno de uma escola estadual localizada em Santa Maria/RS sobre o tema resíduos, além de possibilitar a reflexão-ação sobre o descarte adequado dos mesmos. Para tanto, realizou-se, em junho de 2019, uma atividade de extensão vinculada ao projeto “Sentir, ver e pensar - aprender fazendo: Oficinas pedagógicas”, registrado na Universidade Federal de Santa Maria, sob o nº 052236. A ação foi dividida nas seguintes etapas: 1) aplicação de um questionário estruturado por 20 questões de múltipla escolha relacionadas ao assunto que seria abordado; 2) breve exposição sobre a temática, fazendo uso de material projetado em slides e fotos; 3) reaplicação do questionário e, 4) um debate final sobre a atividade. Os alunos responderam duas vezes as mesmas perguntas (antes e após a dinâmica) com o intuito de comparar os conhecimentos prévios com os desenvolvidos por meio da oficina. Os resultados obtidos a partir do questionário pré-oficina mostraram que os estudantes possuíam ideias equivocadas ou insuficientes sobre o assunto. Por outro lado, após a atividade, as respostas melhoraram de forma surpreendente, visto que houve um maior número de acertos em todas as questões. Assim, conclui-se que incluir o tema às práticas curriculares na escola é de suma importância, principalmente quando utilizadas de maneira instigadora sobre os hábitos diários que prejudicam o meio ambiente e estimuladora em relação às mudanças desses hábitos, para mitigar os impactos causados ao meio natural.

**Palavras-chave:** Oficina, temática interdisciplinar, extensão, ensino.



## MECHANISM OF ACTION OF 1 $\alpha$ ,25(OH) $_2$ -VITAMIN D $_3$ ON ISOLATED RAT PANCREATIC ISLETS

Ana Karla Bittencourt Mendes<sup>1\*</sup>, Paola Miranda Sulis<sup>1</sup>, Fernanda Carvalho Cavalari<sup>1</sup>, Joana Margarida Gaspar<sup>1</sup>, Fátima Regina Mena Barreto Silva<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Bioquímica, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil -  
\*akmendes29@hotmail.com

### Abstract

Diabetes is a chronic disease which results in failure on insulin action or secretion. Vitamin D $_3$  has been described as an adjuvant in diabetes prevention and treatment by acting on pancreatic  $\beta$  cells by non-genomic pathways and contributing to the exocytosis of the insulin granules. To study the rapid response of 1 $\alpha$ ,25(OH) $_2$ -vitamin D $_3$  (1,25D $_3$ ) on  $^{45}\text{Ca}^{2+}$  influx to insulin secretion from isolated rat pancreatic islets. Male *Wistar* rats (180–200 g) were used (Protocol CEUA/UFSC/2119280317). The pancreas was removed by dissection. Insulin secretion was measured by ELISA. For calcium influx, isolates of pancreatic islets were incubated in KRb-HEPES buffer containing 5 mM glucose, 0.1  $\mu\text{Ci/ml}$   $^{45}\text{Ca}^{2+}$  for 60 min, without (control) or treated with 1,25-D $_3$  (1 nM – 1 minute). The channels activators/blockers or receptors agonists/antagonists were added at 45 min of incubation and maintained throughout the incubation period. Lanthanum chloride buffer (10 mM) was added at 2°C to stop  $\text{Ca}^{2+}$  flux. Aliquots were taken from each sample for radioactivity measurement using a LKB rack beta liquid scintillation spectrometer. Proteins were quantified by the Lowry method. 1,25D $_3$  was able to stimulate calcium influx and increase insulin secretion in isolated pancreatic islets. The stimulatory effect of the 1,25D $_3$  was decreased by apamine and glibenclamide, a  $\text{Ca}^{2+}$ -dependent  $\text{K}^+$  channel and  $\text{K}^+$  channel antagonist, respectively. Similarly, diazoxide and TEA, a  $\text{K}^+$  channel and voltage-dependent  $\text{K}^+$  channel ( $\text{K}_v$ ) agonist, respectively, totally blocked the 1,25D $_3$  effect. On the other hand, the effect of 1,25D $_3$  was enhanced in the presence of N-ethylmaleimide, a vesicular transport blocker. The effect of 1,25D $_3$  was decreased by thapsigargin, a sarco/endoplasmic reticulum  $\text{Ca}^{2+}$ -ATPase (SERCA) inhibitor and totally blocked by nifedipine, a L-type voltage-dependent  $\text{Ca}^{2+}$  channel (L-VDCC) antagonist. Likewise, dantrolene, a ryanodine receptor (R $\text{YR}$ ) antagonist and 2-APB, an IP $_3$  receptor antagonist, reduced the effect of 1,25D $_3$ . When KT 5720 (PKA inhibitor) and Ro 31-0432 (PKC inhibitor) were used, the effect of 1,25D $_3$  was abolished. The stimulatory effect of 1,25D $_3$  on calcium influx in isolated pancreatic islets is dependent upon L-VDCC,  $\text{K}^+$ - $\text{Ca}^{2+}$ , and  $\text{K}^+$ -ATP channels, but also with the participation of R $\text{YR}$  and IP $_3$  receptors, PKA, and conventional PKCs in its signaling pathways. Furthermore, TEA-sensitive  $\text{K}_v$  channels activation, induces repolarization of the membrane action potential, coupling the rapid response for the secretagogue role of 1,25-D $_3$ .

**Keywords:** Pancreatic islets, 1,25D $_3$ , calcium influx, insulin secretion.



## ENVELHECIMENTO CELULAR E REDUÇÃO DA QUALIDADE DE VIDA ASSOCIADOS À EXPOSIÇÃO AÉREA AO TOLUENO

Marcell Valandro Soares<sup>1 2\*</sup>, Larissa Marafiga Cordeiro<sup>1</sup>, Aline Franzen da Silva<sup>1</sup>, Fabiane Bicca Obetine Baptista<sup>1</sup>, Felix Antunes Alexandre Soares<sup>1</sup>, Daiana Silva de Ávila<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Federal de Santa Maria, Camobi, Santa Maria, Rio Grande do Sul, Brasil - \*marcellprofile@hotmail.com

<sup>2</sup>Grupo de Pesquisa em Bioquímica e Toxicologia em *Caenorhabditis elegans*, Universidade Federal do Pampa, Uruguaiana, Rio Grande do Sul, Brasil

### Resumo

O envelhecimento é um processo fisiológico celular normal e inevitável, no entanto, nos dias atuais tanto fatores individuais ou ambientais podem contribuir para um envelhecimento precoce, o que acaba por gerar uma menor qualidade de vida. Barker, em um contexto de psicologia ecológica mencionou que “o meio sempre exerce influência sobre o indivíduo” e, se adequarmos para um âmbito toxicológico, diariamente estamos expostos a diversos agentes, seja de maneira intencional (medicamentos, drogas de abuso) ou não intencional (ao acaso ou ocupacional), que podem gerar inúmeros efeitos tóxicos ao nosso organismo (influência). O tolueno é o principal solvente orgânico utilizado na indústria de tintas, gasolina e adesivos, logo, trabalhadores destas áreas são alvos não intencionais, no entanto, este solvente também é utilizado como substância psicoativa, sendo que dados epidemiológicos apontam o abuso de solventes a terceira maior prevalência de consumo em relação a outras substâncias. Efeitos em curto prazo do tolueno já foram estabelecidos na literatura, contudo, efeitos após interrupção da exposição, são escassos, e com base nisso, os objetivos deste trabalho foram avaliar quais são os efeitos em longo prazo após um único período de exposição ao tolueno, utilizando o modelo alternativo *Caenorhabditis elegans*. Utilizamos animais do tipo N2 selvagem, aproximadamente 100 nematoides no quarto estágio larval (L4), os quais foram expostos ao tolueno em uma câmara de exposição para gases por 24 horas, mimetizando dois cenários de exposição: cenário 1 (concentração média: 792 ppm) e cenário 2 (concentração média: 1.094ppm). Os ensaios foram realizados especificamente nos dias 1, 3 e 5 após o período de exposição, sendo mensurados a autofluorescência de lipofuscina nos vermes, como um biomarcador de envelhecimento celular, e avaliações neurocomportamentais, as quais foram utilizadas como indicadores de qualidade vida. Foi observado que vermes expostos demonstram maior acúmulo de lipofuscina celular nos dois cenários de exposição simulados em comparação ao grupo controle não exposto. Quando avaliados os parâmetros de qualidade de vida, há um padrão de redução progressivo da mobilidade de maneira significativa. Foi demonstrado que o tolueno, mesmo após a cessação da exposição, pode gerar um envelhecimento celular precoce associado à perda motora acentuada, o que por sua vez reduz a qualidade de vida. A exposição em longo prazo na literatura suporta estes achados, pensando em transpô-los para humanos, tanto intencionalmente como ocupacionalmente, no entanto, aqui foi visto que mesmo após um longo período fora de um ambiente poluído, os efeitos do tolueno permanecem.

**Palavras-chave:** Solvente, nematóide, toxicidade, volátil.

**Agradecimentos:** O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.



## GUIA PARA SAÍDA DE CAMPO: CONTRIBUIÇÕES PARA ELABORAÇÃO DO PLANEJAMENTO

Marise Preis<sup>1\*</sup>, Daniela Cristina De Toni<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Programa De Pós-graduação em Mestrado Profissional em Ensino de Biologia, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*marisepreis@hotmail.com

<sup>2</sup>Departamento de Biologia Celular, Embriologia e Genética, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil

### Resumo

A educação desafia os professores, que necessitam estar em formações contínuas e diversificando as suas aulas para suprirem as exigências da educação. O objetivo deste trabalho foi propor e planejar um guia de saída de campo para o Parque Natural Municipal da Caieira, localizado em Joinville, auxiliando os professores a utilizarem esta estratégia de aulas para integrar os conhecimentos tratados na disciplina com multidisciplinaridade, cidadania e pluralidade. A saída de campo motiva, envolve e torna os alunos protagonistas de seu aprendizado, trata os conteúdos sem fragmentação, aproxima o conteúdo a realidade do aluno e permite a exploração de aspectos naturais, sociais, históricos e culturais. A saída de campo necessita ser planejada para um bom aproveitamento, o professor deve ter conhecimento da área a ser visitada para coordenar e sanar dúvidas dos alunos durante as observações. A Unidade de Conservação do Parque Natural Municipal da Caieira foi escolhida para o desenvolvimento do guia devido diversidade de ambientes em um único local, apresentando os ecossistemas de restinga e manguezal. Realizou-se uma revisão bibliográfica e visitas ao Parque para observação, notas de campo e registro fotográfico. O conjunto de informações foi organizado para a confecção do guia de saída de campo. O guia possui informações sobre Santa Catarina e Joinville para situar o Parque. Apresenta-se a estrutura do Parque, seus ecossistemas e o sambaqui, abordando sobre a importância e necessidade de preservação destes. Possui uma lista com algumas espécies de plantas e aves locais, com alguns registros fotográficos. As trilhas são abordadas, ressaltando locais para a discussão, como a apresentação de espécies nativas, exóticas e plantas medicinais. Expõem-se possibilidades de trabalho com outras disciplinas, que podem auxiliar no planejamento da saída de campo. Existe a sugestão de atividades abordando os conteúdos de biologia com multidisciplinaridade e características do ensino investigativo. Indica-se atitudes adequadas para a realização de uma visita em uma Unidade de Conservação, um glossário e lista de siglas para que se tenha uma compreensão do guia. Uma saída de campo pode não ocorrer devido ao grande número de alunos, o acúmulo de trabalho do professor, a falta de colaboração e parceria com outros professores, coordenação e direção. O guia fornece informações para facilitar o planejamento de uma saída de campo, possibilitando o uso desta estratégia que apresenta vários benefícios para os alunos e professor, pois permite a integração entre estes, dá mais significado para o aprendizado e desperta a consciência ambiental.

**Palavras-chave:** Ensino de Biologia, Saída de campo, Parque Natural, Ensino investigativo.



## ASSOCIAÇÃO DE POLIMORFISMOS NO GENE *IL-10* E CÂNCER: UMA REVISÃO SISTEMÁTICA

Amanda Carvalho de Barros<sup>1\*</sup>, Luan Viana Santin<sup>1</sup>, Juliana Dal-Ri Lindenau<sup>1</sup>, Yara Costa Netto Muniz<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Polimorfismos Genéticos, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil  
- \*amandacb60@gmail.com

### Resumo

O câncer é um conjunto de mais de 100 doenças que têm em comum a proliferação desordenada de células mutadas, além da capacidade de invadir tecidos e órgãos. Muitos são agressivos e crescem rapidamente, por isso é importante estudar genes e variações genéticas que podem estar relacionadas ao aumento do risco de desenvolvimento da doença. O objetivo desta revisão sistemática é avaliar a existência de associação entre os polimorfismos do gene da interleucina 10 (IL-10) e o risco de desenvolver câncer. Foram utilizadas as palavras-chave câncer, polimorfismo e interleucina 10, bem como os termos MeSH sugeridos pelo NCBI para buscas nos bancos de dados PubMed e Embase. A busca foi feita até 20/02/2020 e resultou em 1466 estudos. Após verificação de título e resumo restaram 266 para análise completa. Os artigos selecionados estavam em inglês, estudos completos do tipo caso-controle, com metodologia adequada, fornecendo frequências das variantes polimórficas e conduzidos de acordo com a declaração de Helsinque e/ou aprovados por Comitê de Ética. Não foram incluídos estudos de família, que envolviam indivíduos geneticamente relacionados ou duplicados. Por fim, foram incluídos nesta Revisão Sistemática 179 artigos. Os estudos são provenientes de 43 países (18,5% são chineses, 12,5% norte-americanos e 9% indianos). Os cânceres mais estudados foram gástrico, colorretal, próstata, leucemia, útero e mama. Cerca de 52% dos estudos não encontraram associação em suas análises. Aqueles que encontraram associação positiva (48%) do risco de desenvolvimento de câncer com diferentes polimorfismos no gene da IL-10, três polimorfismos da região promotora rs1800896, rs1800871 e rs1800872 (-1082A/G, -819C/T e -592A/C, respectivamente) foram os mais associados ao risco. Esses resultados demonstram a dificuldade de buscar alelos de suscetibilidade ao câncer, devido a sua característica multifatorial e a baixa penetrância destes alelos. E demonstra que alelos em regiões regulatórias parecem ser bons candidatos para estes casos. Além disso, a realização de metanálise para melhor compreensão destas associações pode auxiliar na identificação de alelos para futuros estudos que possam confirmar o papel da IL-10 no risco para o desenvolvimento de câncer.

**Palavras-chave:** Proliferação, células mutadas, risco, desenvolvimento.



## REMONTAGEM DOS GENOMAS DE *EIMERIA* SPP. CAUSADORAS DE COCCIDIOSE AVIÁRIA

Vilmar Benetti Filho<sup>1\*</sup>, Guilherme Augusto Maia<sup>1</sup>, Eric Kazuo Kawagoe<sup>1</sup>, Glauber Wagner<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Microbiologia, Parasitologia e Imunologia, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil – \*vilmarbf98@hotmail.com

### Resumo

A coccidiose aviária é uma doença causada por parasitos de sete espécies do gênero *Eimeria* (*E. maxima*, *E. acervulina*, *E. necatrix*, *E. brunetti*, *E. mitis*, *E. praecox* e *E. tenella*), que causam grandes prejuízos à indústria de aves de corte, em decorrência do dano causado no epitélio intestinal de frangos. Metodologias *in silico* são comumente empregadas para busca de biomarcadores. A melhora destas metodologias se dá pelo aprimoramento da contiguidade e organização dos genomas dos parasitos. Assim, neste trabalho, empregou-se uma metodologia *in silico* para remontar os genomas das sete espécies de *Eimeria*, causadoras da coccidiose aviária, valendo-se dos mesmos dados de sequenciamento de projetos anteriores. Obteve-se os *reads*, oriundos do sequenciamento do genoma destas espécies, do banco de dados de SRAs do NCBI/GenBank; realizou-se controle de qualidade dos *reads*; utilizou-se o genoma de *Toxoplasma gondii* como referência para montar o genoma de *E. tenella* Houghton, e este como referência para montagem dos demais. Realizou-se as montagens por meio do programa SPAdes; correção das *scaffolds* via Gapfiller e Sspace e polimento dos genomas com o programa Pilon. Os resultados obtidos por meio desta metodologia apresentaram melhora significativa na redução do número de *scaffolds*. A menor redução foi de 17% para *E. necatrix* e a maior redução foi de 73%, para *E. brunetti*, que em números absolutos significa reduzir 8.575 *scaffolds* para 2.293. Houve redução dos espaços entre as sequências, atingindo 92% para *E. mitis* no resultado mais expressivo. O número de bases não identificadas também sofreu redução na maioria das espécies, havendo ganho apenas para o genoma de *E. tenella*, da ordem de 93%. Os resultados obtidos conservaram conteúdo GC e tamanho dos genomas de referência. A remontagem destes genomas destaca a importância de trabalhos de revisão e integração de metodologias *in silico*. Os genomas remontados estão mais contíguos que os atuais genomas de referência, sem perda de informação. Deste modo, concluímos que estes resultados podem fomentar descobertas de genes, outrora fragmentados, e auxiliar na compreensão da patogenicidade do grupo, bem como busca de alvos moleculares para fins de diagnóstico e terapêutica.

**Palavras-chave:** *Eimeria*, Bioinformática, coccidiose, genoma.





## SECRETOMA DO *TRYPANOSOMA EVANSI* COMO ESTRATÉGIA PARA IDENTIFICAÇÃO DE BIOMARCADORES PARA DIAGNÓSTICO DA SURRA

Renato Simões Moreira<sup>1 2 3\*</sup>, Gabriella Bassi das Neves<sup>2</sup>, Luiz Flávio Nepomuceno<sup>2</sup>, Glauber Wagner<sup>3</sup>, Luiz Claudio Miletti<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Pesquisa, Ensino e Extensão, Instituto Federal de Santa Catarina, Lages, Santa Catarina, Brasil - \*renatosm@gmail.com

<sup>2</sup>Departamento de Produção Animal, Universidade do Estado de Santa Catarina, Lages, Santa Catarina, Brasil

<sup>3</sup>Departamento de Microbiologia, Parasitologia e Imunologia - Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil

### Resumo

*Trypanosoma evansi* é um parasito flagelado, unicelular e sanguíneo, causador da Surra, doença que causa perdas econômicas na pecuária em todo mundo. Este parasito possui semelhança genética com *Trypanosoma brucei*, sendo que alguns autores até o consideram uma subespécie do mesmo. O objetivo deste trabalho foi avaliar o secretoma, que é o conjunto de proteínas secretadas, *in vitro* de *T. evansi* com foco na identificação de potenciais biomarcadores de diagnóstico da Surra. Para isso, parasitos de *T. evansi* criopreservados foram inoculados em *Rattus norvegicus* e, após 3 dias de infecção, o sangue foi coletado, separado por gradiente de Percoll® e os parasitos foram purificados por cromatografia de troca iônica em coluna de DEAE-Celulose e em seguida foram mantidos em meio de secreção por 2h nas temperaturas de 37°C e 27°C. As proteínas secretadas foram quantificadas em NanoDrop™, separadas por SDS-PAGE e identificadas por espectrometria de massas. A concentração média de proteínas foi de 0,98 µL / mL (em 37°C) e 0,6 µL / mL (em 27°C), demonstrando que a temperatura possui um papel modulador na secreção de proteínas do parasito. Foram identificadas 70 proteínas no grupo de 27°C e 215 em 37°C, totalizando 227 proteínas. A massa molecular das proteínas variou entre 10 kDa e 606 kDa e ponto isoelétrico variando entre 3,9 pI e 11,7 pI. Do total de 227 proteínas, seis apresentaram peptídeo sinal, oito apresentaram domínio transmembranar, 51 possuíam domínio de retenção em retículo endoplasmático, apenas uma com ancoramento por GPI (PredGPI) e seis preditas como sendo secretadas por via não-clássica de secreção (SecretomeP), tais achados reforçam a ideia de que o parasito possui uma via de secreção ainda não elucidada. Quanto a localização subcelular, a maioria das proteínas (154) foi predita como citoplasmática, três como extracelular e seis como presente em membrana plasmática. Após a análise por ontologia foi verificado que a maioria das proteínas possuem funções de ligação (drogas, íon e interação proteína-proteína), atividades catalíticas, participantes de processos metabólicos, localização e regulação celular. Por fim, foram identificados 30 epítomos com tamanhos variando entre 10 e 30 aminoácidos, sendo que quatro destes são exclusivos de *T. evansi* em comparação ao *T. brucei*, *T. b. gambiense*, *T. equiperdum* e *T. vivax*. Em razão desses peptídeos terem sido observados em proteínas secretadas e considerando o carácter extracelular da biologia do parasito, estes se apresentam como potenciais biomarcadores específicos para infecção por *T. evansi* para uso em ensaios sorológicos.

**Palavras-chave:** Bioinformática, Tripanossomose, Proteômica, Epítomos.



## MONTAGEM E ANOTAÇÃO DE GENOMAS DE *LEISHMANIA INFANTUM* DO SUL E NORDESTE BRASILEIRO

Eric Kazuo Kawagoe<sup>1\*</sup>, Vilmar Benetti Filho<sup>1</sup>, Guilherme Augusto Maia<sup>1</sup>, Guilherme de Toledo e Silva<sup>2</sup>,  
Patricia Hermes Stoco<sup>1</sup>, Glauber Wagner<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Microbiologia, Parasitologia e Imunologia, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*kazuo.eric@gmail.com

<sup>2</sup>Departamento de Biologia Celular, Embriologia e Genética, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil

### Resumo

*Leishmania infantum* é um protozoário unicelular flagelado e parasita obrigatório que tem como reservatório humanos e canídeos. Este parasito é o agente causador de leishmaniose visceral nas Américas, considerada uma antropozoonose tropical negligenciada, que acomete órgãos linfóides como medula óssea, fígado e baço, podendo causar sintomas como febre, perda de peso, hepatoesplenomegalia e anemia. Ciências ômicas podem atuar em estudos para elucidar mecanismos referentes à biologia de parasitos ou para identificar regiões que apresentam, ou não, similaridade entre diferentes organismos. Dentro do contexto de similaridade se enquadram estudos de pangenoma, que possibilitam identificar regiões compartilhadas, genes e proteínas essenciais presentes no genoma de organismos de uma mesma espécie. O objetivo deste trabalho foi realizar a montagem e anotação funcional de amostras de *Leishmania infantum* obtidas tanto em Santa Catarina quanto de dados públicos de sequenciamento disponíveis no *Sequence Read Archive*. Os dados brutos iniciais foram submetidos a uma etapa de controle de qualidade para remoção de adaptadores e bases de baixa qualidade. Ambas as etapas de montagem e anotação foram realizadas utilizando os dados da cepa JPCM5 de *Leishmania infantum* como referência obtidos no *TriTrypDB*. As montagens preliminares foram realizadas pelo programa *SPAdes* e, então, refinadas pelos programas *SSPACE* e *GapFiller*, para ordenação de *scaffolds* e preenchimento de *gaps*, respectivamente. A predição gênica foi realizada pelo programa *AUGUSTUS* e a anotação funcional pela pipeline *AnnotaPipeline*. As montagens finais apresentaram média de 31.6 GB totais e 668 bases não identificadas distribuídas em uma média de 286 *scaffolds* contíguos, o que representa 96,4% do tamanho do genoma de referência. As montagens apresentaram média de 8.646 proteínas preditas e anotadas, sendo 3.283 anotadas como hipotéticas, o que representa uma diminuição de 2,49% em relação ao número de proteínas hipotéticas do genoma de referência. A partir do resultado destas montagens e predições será possível realizar inferências relacionadas tanto a ortologia quanto às regiões conservadas entre os diferentes genomas da espécie, o que permitirá a identificação de proteínas essenciais para o funcionamento primordial do parasito ou aquelas que possam ser encontradas exclusivamente em cepas específicas.

**Palavras-chave:** Bioinformática, genômica, leishmaniose visceral, *Leishmania infantum*.



## FEMINISTAS BIÓLOGAS NO ENSINO DE BIOLOGIA: REPENSANDO AS RELAÇÕES DE SEXO/GÊNERO

Bruno Tavares<sup>1\*</sup>, Adriana Mohr<sup>1</sup>, Mariana Brasil Ramos<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Programa de Pós-graduação em Educação Científica e Tecnológica, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*brunotavares33@hotmail.com

### Resumo

Nos últimos anos é crescente o número de publicações sobre gênero na área de pesquisa em Educação Científica. Apesar disso, alguns estudos relatam a baixa expressividade de pesquisas teóricas sobre a temática na área em questão, em especial, dos estudos que utilizam as epistemologias feministas como fundamentação teórica de suas pesquisas. As epistemologias feministas questionam o papel de gênero nas atividades epistêmicas em geral, incluindo a construção do conhecimento científico, no que se convencionou chamar de crítica feminista à ciência. Parte das autoras que compõem esse movimento, realizam críticas feministas dentro do campo de estudo das Ciências Biológicas, denominadas feministas biólogas. Nesse resumo, são trazidos aspectos teóricos debatidos a partir das feministas biólogas, em relação aos conceitos de sexo e gênero, de modo a contribuir para uma Educação em Ciências que leve em conta e problematize as contribuições das Ciências Biológicas para discutir essas temáticas. De início, vale pontuar que sexo é comumente trazido como um dado biológico e gênero como sociocultural, em uma postura dualista. Contudo, as feministas biólogas contestam essa posição dualista, argumentando que sexo e gênero postos em uma dicotomia geram certos limites, a saber: 1) reforço de posições deterministas, ora biológicas, ora socioculturais e 2) exclusão da biologia nas discussões de gênero. Tendo isso em vista, essas autoras propõem uma terceira via, construindo uma postura antidualista, ao não dividir natureza e cultura, bem como biológico e social. Para representar esse ponto, elas utilizam o termo sexo/gênero, em um entendimento de que esse processo envolve a materialidade dos corpos, mas também os entendimentos de masculinidade e feminilidade de dada sociedade, sendo biológico e social ao mesmo tempo. Desse modo, fica evidente que o campo de Ciências Biológicas deve contribuir para discussão de aspectos de sexo/gênero sem, contudo, reiterar argumentos deterministas do campo da biologia, mas sim tomando as contribuições desse campo como necessárias, ainda que não suficientes para a compreensão desses fenômenos. Por fim, reafirmamos a importância de posturas antidualistas e que problematizem as contribuições do campo das Ciências Biológicas de modo a construir um ensino aberto às diversidades e contra estereótipos de gênero.

**Palavras-chave:** Educação Sexual, Educação em Ciências, Gênero e Sexualidade, Epistemologia Feminista.



## O VÍRUS DA ZIKA INFLUENCIA NO DESENVOLVIMENTO DOS OSSOS DA CALOTA CRANIANA

Felipe Zanghelini Benevenuti<sup>1, 2\*</sup>, Gabriel da Silva Pescador<sup>2</sup>, Andréa Gonçalves Trentin<sup>2</sup>, Claudia Nunes Duarte dos Santos<sup>3</sup>, Ricardo Castilho Garcez<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Graduação em Ciências Biológicas, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil -  
\*felipebeneve@gmail.com

<sup>2</sup>Laboratório de Células Tronco e Regeneração Tecidual, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil

<sup>3</sup>Instituto Carlos Chagas, ICC-FIOCRUZ/PR, Curitiba, Paraná, Brasil

### Resumo

A partir de 2015, cientistas demonstraram a correlação entre a infecção de fetos pelo vírus da Zika (ZIKV) e o aumento de casos de microcefalia. As duas principais alterações morfológicas nesses casos de microcefalia são redução no volume do sistema nervoso central e alterações dos ossos da calota craniana. Apesar de evidentes, essas alterações ósseas, até o momento, foram muito pouco exploradas. Os ossos da região cranial são formados por duas populações celulares: as células da crista neural (CN) e da mesoderme paraxial. Curiosamente, antes de formarem os ossos craniais, as células da CN fornecem parte da sinalização necessária para o desenvolvimento do córtex cerebral. O processo de ossificação ocorre mais tarde e é dependente da expressão de Bmp (Bmp2 e Bmp4), que regula positivamente a expressão de Msx2, ativando Runx2 e Osx, proteínas responsáveis pelo início da ossificação. O objetivo desse trabalho foi entender o impacto da infecção pelo ZIKV durante a formação dos ossos da calota craniana. Para este estudo, foi utilizado um modelo de infecção *in ovo* em embriões de frango, com a seguinte abordagem metodológica: 1) Infecção *in ovo* com ZIKV nas concentrações de 5 e 500 PFU (*Plaque-Forming Unit*) em embriões com dois dias de desenvolvimento; 2) Confirmação da infecção em embriões de três dias através de RT-PCR; 3) Análise morfológica e biometria de cartilagens e ossos de embriões inteiros de quinze dias. Todos os procedimentos foram aprovados pelo CEUA/UFSC (protocolo 6016021017). O método de infecção *in ovo* com ZIKV se mostrou efetivo e variável entre os embriões, assim como na análise da taxa de sobrevivência dos embriões de quinze dias, onde o grupo ZIKV 500 PFU apresentou uma redução de 60% se comparado com o grupo controle. Já as análises ósseas demonstram, no grupo ZIKV 500 PFU, uma redução de 40% na área dos ossos parietais (originados da mesoderme paraxial) e de 58% dos ossos esqueléticos (originados da CN), enquanto que os ossos frontais, supraoccipitais e quadrados não apresentam diferença estatística entre o grupo controle e os grupos infectados pelo ZIKV. Portanto, a infecção pelo ZIKV pode estar alterando a sinalização responsável pelo desenvolvimento da calota craniana, sem estar impactando uma população celular específica, mas vias de sinalização específicas. O próximo passo da pesquisa é identificar se a via de sinalização Bmp-Msx2 se encontra alterada pelo ZIKV e em qual estágio do desenvolvimento embrionário estas alterações ocorrem.

**Palavras-chave:** Desenvolvimento craniofacial, Infecção viral, Células da crista neural, mesoderme paraxial.



## ANIMAL MODELS OF COMPLEX REGIONAL PAIN SYNDROME: A SYSTEMATIC REVIEW

Juliete Palandi<sup>1\*</sup>, Josiel Mileno Mack<sup>2,3</sup>, Isabela Longo<sup>3</sup>, Franciane Bobinski<sup>3</sup>, Marcelo Farina<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratory of Experimental in Neuropathology, Biochemistry Department, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*julietepalandi@gmail.com

<sup>2</sup>Medical Clinic Department, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil

<sup>3</sup>Laboratory of Experimental Neuroscience, Universidade do Sul de Santa Catarina, Palhoça, Santa Catarina, Brasil

### Abstract

Complex regional pain syndrome (CRPS) is a post-trauma or surgery condition characterized by sensory, autonomic, and motor changes in a distal extremity. With multifaceted pathophysiology, CRPS remains with a lack of understanding of its mechanisms and treatment sought with animal models' studies. This systematic review aims to provide a comprehensive framework of the current animal models used to investigate CRPS, as well as to categorize them based on the aims, patterns of injury, animal species, and outcome assessments. The protocol for this systematic review, which is published for free access in the SyRF and PROSPERO platforms, was conducted in accordance with the main items for reporting systematic reviews and meta-analyses (PRISMA). The searches were conducted in the Medline and Science Direct databases and retrieved 219 articles. Pre-clinical studies with experimental characteristics of CRPS were included. The screening, eligibility, and data extraction steps were performed by two researchers and the discrepancies were resolved by a third. The risk of bias was accessed by the SYRCLE risk assessment tool. Among the 70 included studies, model understanding (55%) was the main goal followed by pharmacologic testing (27%). Male (90%) rats (75%) exposed to non-traumatic model induction (53%) with hind paw ischemia/reperfusion or traumatic model induction (47%) with tibia fracture with casting were the most utilized in these studies. CRPS signal and symptoms with von Frey mechanical nociception (35%) was the most common assessment. It was also noted a great number of biology assessments, especially biochemical analysis (42%). The studies showed a high risk of bias in most of the items evaluated. Before choosing an animal model of CRPS, the study aims must be clearly defined. Hind paw ischemia/reperfusion and tibia fracture with casting models are valuable to study signals and symptoms as biology assessments. Male rats are the most common species in this CRPS studies. The lack of studies with female rodents, as well as testing non-pharmacological interventions, should be considered to conduct future studies. Implementation of these points will play an essential role in the investigation into CRPS.

**Keywords:** Complex regional pain syndrome, animal models, chronic pain.



## EFEITOS DO ESTRESSE MECÂNICO NA GLICEMIA PÓS-PRANDIAL EM MODELO DE ZEBRAFISH PARA DIABETES TIPO2

Elvis Paulo da Silva<sup>1,2\*</sup>, Yara Maria Rauh Müller<sup>1,2</sup>, Evelise Maria Nazari<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Reprodução e Desenvolvimento Animal, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*silva.elvis@gmail.com

<sup>2</sup>Programa de Pós-Graduação em Biologia Celular e do Desenvolvimento, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil

### Resumo

O diabetes mellitus do tipo 2 (DM2), ou diabetes adquirido, é uma patologia caracterizada pelo aumento da resistência insulínica, geralmente ocasionado pelo sedentarismo e a alimentação desequilibrada. Um ponto de atenção que deve ser considerado nas abordagens de tratamento dos pacientes DM2 é o pico glicêmico pós-prandial (PGPP), sendo este diretamente proporcional ao risco de doenças vasculares e ao agravamento das condições do diabético. Estudos já realizados com humanos demonstram uma relação inversa entre o estresse mecânico e o PGPP como, por exemplo, a caminhada realizada 30 minutos após a refeição. Assim, este projeto tem como objetivo analisar a relação entre três diferentes padrões de estresse mecânico e a redução do PGPP em modelo de zebrafish (*Danio rerio*) para DM2. O delineamento experimental considera o uso de 40 animais adultos, os quais serão sobrealimentados durante 14 dias, com o fornecimento de ração seca ou artêmias seis vezes ao dia, induzindo assim o estado hiperglicêmico característico da DM2, o qual será aferido através de glicosímetro de fita para uso humano, conforme recomenda a bibliografia. Após este período, os animais serão divididos em quatro grupos (n = 10 indivíduos/grupo), sendo realizado o teste oral de tolerância à glicose (TOTG) no 15º dia, pela adição de glicose a 2% nos aquários. Decorridos 30 minutos do TOTG, os indivíduos serão submetidos a diferentes condições de estresse mecânico por 20 minutos, a saber: (i) em plataforma vibratória vertical; (ii) em plataforma vibratória horizontal; (iii) em plataforma vibratória multivetorial. Os indivíduos controles serão submetidos ao TOTG, mas não serão expostos ao estresse mecânico. Será também mensurado o nível de cortisol dos indivíduos nos quatro grupos, analisando-se a relação entre a vibração mecânica e a resposta sistêmica ao estresse nos animais. A hipótese do trabalho é de que haja uma relação diretamente proporcional entre o estresse mecânico e a redução do PGPP, comparativamente aos indivíduos controles, conforme segue (da menor para a maior): plataforma vibratória vertical, plataforma vibratória horizontal e plataforma vibratória multivetorial. Na confirmação desta hipótese, o resultado pode ser explicado pelo maior recrutamento de fibras musculares quando o estímulo ocorre perpendicularmente à força da gravidade (horizontal), ou em múltiplas direções (multivetorial). Até o momento, desconhece-se a existência de trabalhos previamente realizados com o uso de estímulos mecânicos multivetoriais, possibilitando assim o delineamento de uma abordagem mais eficiente para o tratamento do DM2, bem como das patologias associadas a este.

**Palavras-chave:** teleósteo, hiperglicemia, curva glicêmica, mecanotransdução.



## ENVIRONMENTAL CONTAMINANTS CAN MODULATE THE IMMUNE SYSTEM OF INVERTEBRATES AND THEIR SUSCEPTIBILITY TO DISEASES

Danielle Ferraz Mello<sup>1 2\*</sup>, Rafael Trevisan<sup>1 2</sup>, Patricia Mirella da Silva Scardua<sup>3</sup>, Margherita Anna Barracco<sup>4</sup>, Joel Meyer<sup>2</sup>, Alcir Luiz Dafre<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Defesas Celulares, Departamento de Bioquímica, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*danifmello@gmail.com

<sup>2</sup>Nicholas School of the Environment, Duke University, Durham, NC, United State of America

<sup>3</sup>Departamento de Biologia Molecular, Universidade Federal da Paraíba, João Pessoa, Paraíba, Brasil

<sup>4</sup>Laboratório de Imunologia Aplicada à Aquicultura, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil

### Abstract

Worldwide, humans and wildlife are showing signs of increased susceptibility to diseases. Global changes such as chemical pollution are considered the main drivers of this scenario. Many chemicals can directly or indirectly affect the immune system and turn the organisms more susceptible to disease-causing agents such as pathogens. Here, we provide a summary of our major findings regarding the effects of different chemicals on the immune response and disease susceptibility in invertebrates species. First, we were interested in the effects of harmful algal blooms and their toxins on the immune system of bivalves, as the frequency of these blooms has been increasing worldwide –likely due to water pollution and climate change. We found that the immune system of mussels (*Perna perna*) is particularly more sensitive than of oysters (*Crassostrea gigas*) and clams (*Anomalocardia brasiliensis*) to an exposure of a natural bloom of *Dinophysis acuminata*, which produces the okadaic acid toxin. However, oyster hemocytes were affected by *in vitro* exposures to the algal toxins saxitoxin or brevetoxin, showing altered hemocyte immunocompetence and the modulation of mRNA levels of some defense-related genes. Later, we were interested in addressing the potential indirect effects of chemicals on the immune system of invertebrates by modulating important physiological pathways such as the antioxidant system and mitochondrial oxidative phosphorylation (OXPHOS). When we studied the effects of specific inhibitors of the antioxidant system (CDNB and buthionine sulfoximine; BSO) on the immune system of oysters, we found that while CDBN (inhibitor of the glutathione and thioredoxin reductases) modulated hemocyte immunocompetence, no significant effects were observed in hemocytes after the BSO exposures (glutathione synthesis inhibitor). However, BSO-exposed oysters were more susceptible to opportunistic pathogens of the genus *Vibrio*. Finally, we partially inhibited OXPHOS in the nematode *Caenorhabditis elegans* using the pesticide rotenone (complex I inhibitor). Interestingly, rotenone-exposed animals became more susceptible to *Pseudomonas aeruginosa* but more resistant to *Salmonella enterica*, both pathogenic bacteria. Transcriptomic analysis revealed up and down-regulation of immune-related pathways by rotenone, which could be implicated in this differential nematode susceptibility to pathogens. Altogether, our findings demonstrate that distinct classes of chemicals can modulate the normal functioning of the immune system in different invertebrate models and alter their capacity to fight pathogens. Due to conserved physiological pathways, these findings may also translate to other species, including humans. In conclusion, these studies reveal some potential risks of chemical release into the environment to our planet's health.

**Keywords:** Immunotoxicity, environmental health, pollution, disease.



## BIOINFORMÁTICA APLICADA À CIÊNCIA DOS ALIMENTOS

Gadiel Zilto Azevedo<sup>1\*</sup>, Beatriz Rocha dos Santos<sup>1</sup>, Aline Nunes<sup>1</sup>, Marcelo Maraschin<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Morfogênese e Bioquímica Vegetal, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*gad.azevedo@gmail.com

### Resumo

Nos últimos anos, vemos uma crescente demanda de ferramentas de bioinformática em diversos campos do conhecimento, incluindo a ciência da computação, engenharia de software e biologia de sistemas. A bioinformática pode contribuir de forma expressiva com estudos em ciências dos alimentos, ajudando a compreender a base dos diferentes sabores e texturas, e, desse modo, buscar formas de melhorar esse alimento para uma melhor experiência dos consumidores. Assim, foi realizada revisão narrativa do estado da arte do uso de ferramentas de bioinformática, objetivando mostrar a importância de suas aplicações em estudos em ciências dos alimentos e a necessidade de desenvolvimento de novos softwares mais avançados. Estudos mostram que com os avanços realizados nos últimos anos é possível, através da bioinformática, definir em detalhes moleculares quais alimentos são seguros e inclusive melhorar os processos de desenvolvimento de novos produtos. Considerando a grande quantidade de dados que os estudos em ciência dos alimentos produzem, a bioinformática é extremamente útil, em especial quanto ao tratamento de dados de composição química, através de abordagens de análises uni- e multivariadas, i.e., quimiometria. Esta disciplina química, enraizada na química analítica, aplica métodos matemáticos e estatísticos nos dados para explicar os efeitos e as interações de diferentes parâmetros dos processos. Além disso, é extremamente utilizada para otimizar resultados específicos, principalmente com foco em questões relacionadas a conformações moleculares de constituintes de matrizes alimentares, possibilitando o estabelecimento (e.g.) de protocolos de segurança, identificação, adulteração, e detecção de resíduos de agrotóxicos e outras substâncias, através de técnicas de reconhecimento de padrões de composição de amostras quimicamente complexas. Apesar do expressivo crescimento do uso de softwares em bioinformática nos últimos anos, novas ferramentas que permitam a integração de dados entre bases repositórias, facilitem a organização e o intercâmbio de dados em padrões de formatos de arquivos e ampliem as possibilidades de cálculos matemáticos e estatísticos são requeridas, ampliando as possibilidades de extração de informações contidas no mega-conjuntos de dados oriundos das ciências dos alimentos.

**Palavras-chave:** Ferramentas computacionais, quimiometria, análise de alimentos, nutrição, segurança alimentar.





## CLONAGEM E CARACTERIZAÇÃO DE B-GLICOSIDASES E TRANSPORTADORES DE CELOBIOSE E XILOBIOSE EM *SACCHAROMYCES CEREVISIAE*

Leonardo Gomes Kretzer<sup>1\*</sup>, Marília Knychala<sup>1</sup>, Lucca Corrêa da Silva<sup>1</sup>, Boris Ugarte Stambuk<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Departamento de bioquímica, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil -  
\*leo\_kretzer@hotmail.com

### Resumo

A possibilidade de utilização de biomassa vegetal como matéria prima para produção de etanol vem chamando atenção da indústria alcooleira e dos setores preocupados com o desenvolvimento sustentável da sociedade. Se realizada de forma eficiente, a fermentação alcoólica dos carboidratos constituintes da biomassa promete aumentar a produção sustentável/renovável desse biocombustível e diminuir a dependência da sociedade sobre as fontes fósseis de energia. A levedura unicelular *Saccharomyces cerevisiae* é o microrganismo majoritariamente utilizado na produção industrial de etanol, porém não consegue fermentar eficientemente o segundo monossacarídeo presente em maior abundância na biomassa vegetal (xilose) e nenhum dos dois principais dissacarídeos presentes no hidrolisado lignocelulósico (celobiose e xilobiose). Portanto, visando melhorar a produção de etanol de segunda geração (2G), tem-se buscado desenvolver linhagens de *S. cerevisiae* capazes de fermentar essas fontes de carbono. Nesse trabalho, são apresentados resultados parciais do desenvolvimento de linhagens de *S. cerevisiae* modificadas para metabolizar xilose e fazer o transporte e hidrólise intracelular tanto de celobiose quanto de xilobiose. Duas linhagens de background laboratorial contendo diversos marcadores auxotróficos (facilitando a clonagem e expressão de vários genes heterólogos) foram transformadas com um plasmídeo contendo um gene que codifica uma  $\beta$ -glicosidase intracelular (*SpBGL2* da levedura *Spathaspora passalidarum*) e também com um plasmídeo contendo um gene que codifica para um transportador com capacidade de transporte de celobiose (*MgCBT2* da levedura *Meyerozyma guilliermondii*). Posteriormente, cada uma das linhagens recém desenvolvidas foi transformada com um plasmídeo integrativo contendo os genes que codificam as enzimas da rota oxirredutora de metabolização de xilose (xilose redutase, xilitol desidrogenase e xilucinase). Foi realizado um ensaio piloto de crescimento em meio contendo apenas celobiose como fonte de carbono. Após se verificar o crescimento das linhagens, uma delas foi selecionada e foram realizadas padronizações dos ensaios de pH ideal da enzima, cinética enzimática e cinética de transporte utilizando tanto celobiose (substrato natural) quanto p-nitrofenil- $\beta$ -D-glicopiranosídeo (pNP $\beta$ G) - análogo de celobiose - e p-nitrofenil- $\beta$ -D-xilopiranosídeo (pNP $\beta$ X) - análogo de xilobiose. A linhagem apresentou atividade de transporte tanto de pNP $\beta$ G quanto de pNP $\beta$ X e também apresentou capacidade de hidrolisar celobiose e os substratos sintéticos. Os resultados obtidos se mostram promissores e ressaltam a possibilidade de clonagem de novos transportadores e enzimas oriundas de outras leveduras como uma estratégia para a produção eficiente de etanol por *S. cerevisiae* recombinantes.

**Palavras-chave:** Celobiase, etanol, fermentação, segunda geração (2G).



## BISPHENOL A IMPAIRS TESTICULAR ENERGY METABOLISM AND SPERMATOGENESIS IN THE ZEBRAFISH

Hemily Batista-Silva<sup>1 4\*</sup>, Keyla Rodrigues<sup>1</sup>, Kieiv Resende Sousa de Moura<sup>2</sup>, Nicolas Elie<sup>3</sup>, Christelle Delalande<sup>4</sup>, Fátima Regina Mena Barreto Silva<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Departamento de Bioquímica, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil -  
\*hemily\_biomedicina@outlook.com

<sup>2</sup> Departamento de Ciências Morfológicas, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil

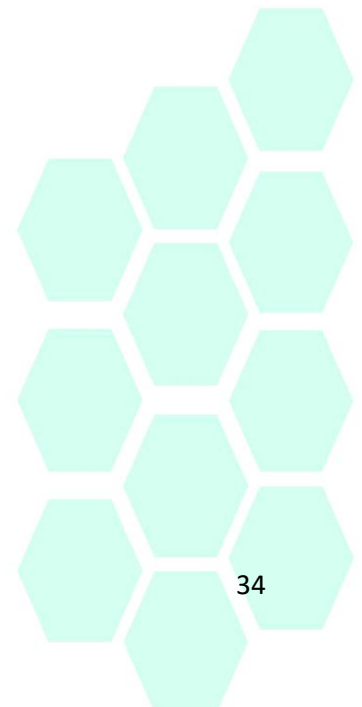
<sup>3</sup> Centre de Microscopie Appliquée à la Biologie, Université de Caen Normandie, Caen, Normandie, France

<sup>4</sup> Laboratoire Œstrogènes, Reproduction et Cancer, Université de Caen Normandie, Caen, Normandie, France

### Abstract

This study investigated the acute *in vivo* effects of BPA on testicular energy metabolism and testicular morphology in zebrafish. For this, zebrafish (*Danio rerio*), protocol number CEUA PP00968, were treated for 12 h with 10 pM and 10 μM BPA. Then, content of testicular lactate, glycogen and activity of lactate dehydrogenase (LDH), alanine aminotransferase (ALT) and aspartate aminotransferase (AST) were analysed. In addition, digital analysis of testicular cells using Ilastik software and the Pixel Classification module, as well as apoptosis assay by TUNEL immunohistochemical analysis were also carried out. Our results showed that BPA reduced testicular content of lactate and glycogen, as well as ALT and AST activities. In addition, BPA exposure resulted in a decrease in the proportion of the surface of spermatids and spermatozoa and an increase in the percentage of apoptotic spermatocytes. These results using biochemical and histological approaches suggest that the acute BPA effects impair testicular energy metabolism, spermatogenesis, and consequently may affect male fish fertility.

**Keywords:** BPA, *Danio rerio*, lactate, apoptosis.





## RESISTED LADDER CLIMBING IMPROVES MUSCLE STRENGTH, ANXIOUS-DEPRESSIVE BEHAVIOR, AND MECHANICAL HYPERALGESIA OF MICE

Mirieli Denardi Limana<sup>1\*</sup>, Cibele Ramos Fiuza<sup>2</sup>, Scheila Iria Kraus<sup>2</sup>, Gislaine Olescowicz<sup>2</sup>, Guilherme Fleury Fina Speretta<sup>2</sup>, Aderbal da Silva Aguiar<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Bioquímica Experimental, Universidade Federal de Santa Catarina, Araranguá, Santa Catarina, Brasil - \*mirieli.limana@gmail.com

<sup>2</sup>Programa de Pós-Graduação em Neurociências, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil

### Abstract

In addition to aerobic exercises, resistance exercise is indicated for general health maintenance, prevention and treatment of chronic non-transmissible diseases. Different animal models were developed in rats. However, little is known about the resisted ladder climbing model in mice. The aim was to analyze the effect of five weeks of resistance training (ladder) on the muscle strength, the anxious-depressive behavior, and mechanical hyperalgesia of mice. The study was approved by the ethics committee (protocol 1958010616). Twenty male mice (Swiss, 8 weeks, 44.5±1.5g) were randomized into two groups: sedentary control (n = 10) and ladder exercise (n = 10). Exercise consisted of climbing a ladder (1.1 m; 0.18m; 1.4cm grid, 80° inclination) resisted by a fixed overload on the mouse-tail. After familiarization (3 days), exercised animals performed the initial assessment of muscle strength through the maximum voluntary carrying capacity (MVCC) for exercise prescription. Mice climbed the ladder for 5 weeks, 3 times/week. Animals started with MVCC 50% (10-15 repetitions/day, 35 sec rest). In the second and third week the load was MVCC 60% (8-12 repetitions / day, 45 sec rest). At the fourth and fifth weeks the load was MVCC 70% (5-8 repetitions / day, 55 sec rest). MVCC was revalidated every 2 weeks. Control animals were handled without any exercise application. We assessed anxious behavior through the open field and elevated plus maze; muscle strength through the MVCC; depressive behavior through the splash test; and mechanical hyperalgesia by von Frey filaments (0.02–8.0g), using up-and-down method. Values were expressed as mean ± standard error of the mean (SEM). Results were compared using unpaired t-test and ANOVA for repeated measurements with Bonferroni post-hoc test when necessary. The differences were considered significant for P≤0.05. Strengthening increased body mass (before 42.2±0.9g × after 49.1±1.2g;  $F_{2,59}=63$ ;  $P<0.05$ ) and MVCC (before 51.3±1.7g × after 67.2±2.8g;  $F_{1,22}=11$ ;  $P<0.05$ ). Exercise also reduced anxious-type behavior through open field (shorter time in the periphery, control 125.3±9.6s × exercise 108.0±8.4s,  $P=0,04$ ) and elevated plus maze (greater number of entries in the open arms, control 3.5±8.4 × exercise 5.3±0.6,  $P=0,02$ ). In addition, training reduced anhedonia demonstrating its effect on depressive-type behavior (lower latency in the splash test, control 52.3±3.7s × exercise 39.3±6.2s,  $P=0,04$ ) and decreased mechanical threshold in von Frey test (control 1.96±0.25 × exercise 1.35±0.13,  $P=0,04$ ). Exercise was also able to improve muscle strength and anxious-depressive behavior of mice, and to increase the mechanical hyperalgesia of the animals.

**Keywords:** Exercise; Muscle strength; Resistance Training, Mice



## FERRAMENTA INTEGRADA PARA ANOTAÇÃO DE PROTEÍNAS HIPOTÉTICAS: ESTUDO DE CASO EM *TRYPANOSOMA RANGELI*

Guilherme Augusto Maia<sup>1\*</sup>, Tatiany Aparecida Teixeira Soratto<sup>1</sup>, Vilmar Benetti Filho<sup>1</sup>,  
Edmundo Carlos Grisard<sup>1</sup>, Patrícia Hermes Stoco<sup>1</sup>, Glauber Wagner<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Microbiologia, Imunologia e Parasitologia, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis,  
Santa Catarina, Brasil - \*guiaugmaia@gmail.com

### Resumo

*Trypanosoma rangeli* é um protozoário que infecta insetos triatomíneos e diversos mamíferos para realizar o seu ciclo biológico. O *T. rangeli* tornou-se um organismo de interesse científico devido a sua similaridade genômica e proteômica com *Trypanosoma cruzi*. Do genoma de *T. rangeli* foi observado que 66% dos genes codificam “proteínas hipotéticas”, que são proteínas preditas por ferramentas de bioinformática, mas que não têm suas funções caracterizadas. O estudo destes dados moleculares, através de análises computacionais comparativas, pode esclarecer os mecanismos de virulência e infectividade de outras espécies de *Trypanosoma*. Este trabalho teve como objetivo desenvolver um *pipeline* para atribuir anotações para proteínas hipotéticas através de análises *in silico* com base em dados genômicos, transcriptômicos e proteômicos de *T. rangeli*. Foi realizada a predição de sequências a partir de diferentes dados de sequenciamento e montagens do genoma de *T. rangeli*, utilizando-se o programa Augustus. As 10.506 sequências proteicas preditas não redundantes foram utilizadas para realizar uma busca por similaridade com outros genomas através do algoritmo do BLAST+, com dados disponíveis no TriTrypDB v.41, das quais 6.475 encontraram correspondência de anotação. Outras 3.740 proteínas foram classificadas como hipotéticas, 133 como pseudogenes e 158 não encontraram nenhuma correspondência, formando assim um conjunto de dados de 3.898 proteínas hipotéticas. Destas, 1.149 continham descrições ou anotações funcionais considerando os resultados do InterProScan, HMMER e RPSblast+, sendo que 788 (20,42%) destas proteínas hipotéticas continham ao menos uma descrição. Para avaliar a possível expressão destas proteínas, foram realizadas análises de evidências de expressão utilizando dados disponíveis do transcriptoma e do proteoma de *T. rangeli*. Foram encontradas, respectivamente, pelos programas Kallisto e Comet, 3.690 (94,66%) sequências hipotéticas com pelo menos um transcrito e 1.452 (37,25%) com pelo menos dois peptídeos identificados pelas análises de espectrometria de massas. Considerando apenas sequências que apresentavam ambas evidências de expressão, 1.018 (26,12%) sequências hipotéticas são potencialmente expressas. Finalmente, utilizando os dados gerados neste *pipeline*, foi possível reanotar 372 (9,54%) de todas as proteínas previamente descritas como hipotéticas, pois apresentam maior respaldo para uma anotação confiável. Em conclusão, este trabalho gerou uma abordagem sistemática e integrada que permite atribuir anotações para proteínas hipotéticas *in silico*, sendo potencialmente aplicável a outros genomas que apresentem dados de expressão.

**Palavras-chave:** Bioinformática, Pipeline, Proteogenômica, Anotação Genômica



## CANAIS EDUCATIVOS DE BIOLOGIA NO YOUTUBE: UMA REVISÃO EM EVENTOS DA ÁREA DE ENSINO

Maria Eduarda de Melo<sup>1\*</sup>, Leandro Duso<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Programa de Pós graduação em Educação Científica e Tecnológica (CED), Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*ddudamelo@gmail.com

<sup>2</sup>Departamento de Metodologia de Ensino, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil

### Resumo

Devido sua gratuidade, popularidade e foco nos exames escolares e de larga escala como ENEM e vestibulares, a empresa *YouTube* tem se tornado um espaço de acesso a videoaulas bastante utilizado por estudantes para revisar e estudar conteúdos de Biologia e outras disciplinas. Estudos trazem que canais de videoaulas de Biologia têm-se tornado um fenômeno educativo atual e expressivo, com alta popularidade no site. Apesar disso, este tema ainda possui número incipiente de trabalhos publicados, sendo o *YouTube* ainda pouco explorado pela área de pesquisa em Educação em Ciências. Nesse contexto, mostram-se relevantes pesquisas do tipo bibliográficas, que permitam uma visão mais ampla de um tema, bem como a localização de lacunas, abordagens e de pesquisadores que trabalharam com o mesmo, buscando o material de análise em espaços onde circulam as publicações científicas. Nesse resumo, serão trazidos aspectos educacionais sobre o *YouTube* que se destacaram em sete trabalhos encontrados em dois dos maiores eventos brasileiros sobre o Ensino de Biologia: quatro no Encontro Nacional de Pesquisa em Educação em Ciências (ENPEC) e três no Encontro Nacional de Ensino de Biologia (ENE BIO). Os (poucos) trabalhos encontrados são exploratórios, com abordagem ampla do tema e discussões ainda pouco aprofundadas sobre o *YouTube* como espaço educativo. Os trabalhos do ENPEC apresentaram discussões mais apropriadas sobre o assunto, enquanto que os do ENE BIO deram demasiado destaque as potencialidades do *YouTube*, visto que afirmam um ganho pedagógico direto a partir dele, conclusões que são feitas, muitas vezes, após uma única experiência e sem embasamento teórico para sustentar tais afirmações. Com exceção de dois trabalhos do ENPEC, as pesquisas não trazem uma caracterização do site para o texto, isto é, de uma forma geral, não olham para o site como um objeto ou espaço da pesquisa, e sim como uma ferramenta ou recurso qualquer a ser utilizado no processo de ensino-aprendizagem, trazendo pouca contextualização e elementos do *YouTube* para compor os textos, fornecendo assim pouco material de análise. Todavia, é praticamente unânime o destaque dado ao *YouTube* como sendo um espaço popular e expressivo entre os jovens e que faz parte da vida dos estudantes como forma de entretenimento. Por fim, reiteramos a importância de uma postura reflexiva, que busque entender o que essa expressão e expansão do *YouTube* podem significar no processo de ensino-aprendizagem de Biologia.

**Palavras-chave:** Ensino de Biologia, Videoaulas, Videos Educativos, Revisão Bibliográfica.



## ÁREA BÁSICA DE INGRESSO PARA FORMAÇÃO DE PROFESSORES: ANALISANDO O CENSO DA EDUCAÇÃO SUPERIOR

Matheus D'avila Schmitt<sup>1\*</sup>, Adriana Mohr<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Grupo de Pesquisa Casulo, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil -  
\*matheusdschmitt@hotmail.com

<sup>2</sup>Departamento de Metodologia de Ensino, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil

### Resumo

Desde as Diretrizes Curriculares Nacionais da Formação de Professores de 2002, observa-se na legislação uma tendência de desvinculação entre bacharelados e licenciaturas. Isto está associado ao apagamento e desvalorização das licenciaturas quando realizadas como apêndices dos bacharelados, situação marcante desde o início da formação de professores. Porém, mesmo com essa tendência de desvinculação, formações associadas entre bacharelado e licenciatura são propostas nos cursos com Área Básica de Ingresso (ABI). Objetivamos entender o que é ABI para refletir sobre sua pertinência e desenvolvimento nos cursos de formação de professores. Foram analisados resumos técnicos do CenSup de 2002 a 2017 e seus glossários de 2014 a 2017. Na leitura, identificou-se a presença das expressões “Área Básica de Ingresso”, “ABI”, “Área Básica de Curso” e “ABC” e procedeu-se a análise destes conceitos, tal como desenvolvidos nos documentos. Identificou-se que o surgimento da expressão ABI parece estar associado ao fim do oferecimento do grau acadêmico “licenciatura e bacharelado”, ofertado entre 2002 a 2009. No resumo técnico de 2010, identificou-se que cursos que ofereciam formação concomitante precisaram ser recadastrados e passaram a oferecer um único grau acadêmico: uma possibilidade é que os concomitantes de “bacharelado e licenciatura” fossem transformados em um de bacharelado, um de licenciatura e uma Área Básica de Curso (ABC). O termo ABC é mencionado somente no resumo técnico de 2010 e nos documentos posteriores parece ser substituído, sem alteração de significado, pelo termo ABI. Em diversos documentos é explicitado o significado da expressão ABI e esta se refere à situação em que uma única “entrada” no curso possibilitará ao estudante, após a conclusão de um conjunto básico de disciplinas, a escolha de uma entre duas ou mais formações acadêmicas. Em termos práticos, ABI significa que o estudante não necessita pré-definir se irá se formar em licenciatura ou bacharelado ao se matricular na universidade, isto só precisará ser indicado após vivenciar parte da formação. Conclui-se que talvez a criação da designação ABI seja um caso surgido do confronto entre o que estava proposto pela legislação e o que vinha sendo realizado na prática. Ou seja, talvez possamos inferir que a ABI seja uma solução administrativa criada para dar conta daqueles cursos que não estavam subordinados à separação entre bacharelado e licenciatura que a legislação propunha. Pesquisas que analisem de forma mais aprofundada a estrutura e desenvolvimento dos cursos ABI nos contextos práticos mostram-se necessárias para entender melhor suas potencialidades e limites.

**Palavras-chave:** Área Básica de Ingresso, Licenciatura, Bacharelado, Organização Curricular.



## EVOLUÇÃO DO DESMATAMENTO NA AMAZÔNIA E A RELAÇÃO COM A POLÍTICA DO AGRONEGÓCIO

Beatriz Rocha dos Santos<sup>1\*</sup>, Gadiel Zilto de Azevedo<sup>1</sup>, Aline Nunes<sup>1</sup>, Marcelo Maraschin<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Morfogênese e Bioquímica Vegetal, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*bbeatrizrochadossantos@gmail.com

### Resumo

Na década de 60, o incentivo para ocupar regiões pouco povoadas situadas no bioma Amazônia promoveu modificações à utilização da terra, o que provocou aumento nas taxas de desmatamento e alterou drasticamente o regime de fogo. Nos últimos anos, esse cenário intensificou-se ainda mais, o que tem sido marcado historicamente como um dos piores já vistos no Brasil. Assim, este trabalho objetiva discutir o aumento do desmatamento da Amazônia legal, principalmente sob regime do atual governo federal, relacionando-o com sua política ao agronegócio. Realizou-se levantamento bibliográfico relativo às temáticas: Amazônia, agronegócio, queimadas e desmatamento, considerando os dados oficiais do governo, mediante a elaboração de revisão integrativa. Os registros do Instituto de Pesquisas Espaciais (INPE) mostram que a quantidade de área desmatada no primeiro ano do atual governo superou governos anteriores, alcançando 10.129 km<sup>2</sup>; um aumento de 28% comparativamente aos dados do ano mais intenso de desflorestamento (2016) do governo Dilma. No biênio 2018-2019 houve aumento de 34% nos alertas de desmatamento detectados via satélite, sendo o Pará o Estado mais afetado, com incremento de 52%. Estudos apontam que o desflorestamento no Brasil está relacionado diretamente com o agronegócio, que se caracteriza por grandes latifúndios, alta concentração de propriedade de terra, produção baseada em monocultura, mecanização em larga escala, precarização nas relações de trabalho e aumento de riscos socioambientais, entre outros. Como exemplo deste sistema de produção, algumas cidades paraenses apresentaram crescimento expressivo no número de cabeças de gado nos últimos anos, em paralelo ao aumento de suas áreas desmatadas no bioma Amazônia. A percepção sobre os riscos ambientais atrelados a este modelo de produção por uma parcela maior da população poderá refletir-se em uma maior pressão por parte destajunto aos governantes para que o país não experimente retrocessos em suas políticas ambientais recentes. Do mesmo modo, alerta-se para o aumento das fiscalizações e da adoção de novas políticas públicas que assegurem preservação das florestas brasileiras.

**Palavras-chave:** destruição da floresta, neoliberalismo, Amazônia legal, ação antrópica.



## IMPACTO DO CONSUMO DE DIFERENTES CONCENTRAÇÕES DE FRUTOSE EM PARÂMETROS METABÓLICOS E COMPORTAMENTAIS EM CAMUNDONGOS

Wellington de Medeiros Barros<sup>1\*</sup>, Letícia de Souza<sup>1</sup>, Eslen Delanogare<sup>1</sup>, Adriano Emanuel Machado<sup>1</sup>, Sara Pereira Braga<sup>2</sup>, Eduardo Luiz Gasnhar Moreira<sup>1 2</sup>

<sup>1</sup>Programa de Pós-Graduação em Neurociências, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*wellingtonb@gmail.com

<sup>2</sup>Programa de Pós-Graduação Multicêntrico em Ciências Fisiológicas, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil

### Resumo

Evidências clínicas têm mostrado que o alto consumo de bebidas adoçadas é um fator de risco para o desenvolvimento de obesidade, síndrome metabólica e alterações cognitivo-emocionais. Há também um crescente interesse nos potenciais efeitos do elevado consumo de frutose sobre o comportamento. Avaliar as diferenças de gênero nas características metabólicas e comportamentais em resposta ao consumo crônico de diferentes concentrações de frutose em camundongos machos e fêmeas. Camundongos Swiss machos e fêmeas de três meses de idade tiveram acesso a água de torneira ou solução de água contendo frutose (15% ou 30% água/volume) *ad libitum* durante nove semanas. Após 8 semanas de consumo, os animais foram submetidos a uma bateria de testes comportamentais (e.g.: Campo Aberto, Reconhecimento de Objetos, Teste de Alternância Forçada, *Splash Test*, Suspensão pela Cauda, Labirinto em Cruz Elevado). Um teste de tolerância a glicose (GTT) foi realizado após esses testes e no dia seguinte foi realizada uma coleta de sangue para análise bioquímica. Protocolo CEUA nº: 3,026,310,817. Na concentração de 15%, o consumo de frutose resultou em elevação nos níveis de colesterol plasmático e intolerância à glicose nos camundongos em paralelo com um comportamento passivo de enfrentamento ao estresse nas fêmeas e menor comportamento de autocuidado em machos e fêmeas. Na concentração de 30%, o consumo de frutose resultou em um aumento da massa corporal, dos níveis de colesterol e triglicerídeos em ambos os gêneros, enquanto a intolerância a glicose foi mais pronunciada nos camundongos machos. Déficits de memória espacial de curta duração e baixo comportamento de autocuidado foram observados em ambos os gêneros, enquanto o comportamento passivo de enfrentamento ao estresse foi novamente observado apenas nas fêmeas. Não foram observadas alterações na locomoção e memória de reconhecimento de objetos. Esta evidência destaca o impacto das bebidas adoçadas com frutose sobre ambos os sexos, sendo que as fêmeas foram mais predispostas a endofenótipos do tipo depressivo, enquanto os camundongos machos foram mais suscetíveis a disfunções do metabolismo da glicose. Coletivamente, nossos dados sugerem que o elevado consumo de frutose induz alterações metabólicas e comportamentais em camundongos, com os camundongos machos sendo mais susceptíveis a disfunções no metabolismo da glicose e as fêmeas a endofenótipos tipo-depressivos.

**Palavras-chave:** Bebidas adoçadas, Dieta, Frutose, Síndrome Metabólica





## MECANISMOS DE RESISTÊNCIA AO TRATAMENTO COM TRASTUZUMABE EM MULHERES COM CÂNCER DE MAMA HER2+

Bernardo Perin Cima<sup>1\*</sup>, Alexandre Holzbach Júnior<sup>1</sup>, Mari Dalva Staffen<sup>1</sup>, Clisten Fátima Staffen<sup>1</sup>, Yara Costa Netto Muniz<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Biologia Celular, Embriologia e Genética, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*bernardopcima@gmail.com

### Resumo

Câncer de mama é a segunda principal causa de morte em mulheres no mundo. A busca por tratamentos específicos e eficientes tem sido importante para a redução do número de mortes. O câncer de mama pode ser classificado de acordo com seu subtipo molecular, como o câncer de mama HER2+, rico em receptores do tipo 2 do fator de crescimento epidérmico humano. HER2 é uma proteína tirosina quinase transmembranar envolvida nos processos de proliferação, diferenciação e sobrevivência celular. O trastuzumabe é um anticorpo monoclonal que tem como alvo a proteína HER2, evitando sua dimerização e consequentes efeitos na célula. 30% das pacientes demonstram resistência inata ou adquirida ao tratamento com trastuzumabe. Uma revisão sistemática foi realizada visando identificar e compreender as causas de resistência ao tratamento, de forma a buscar possíveis terapias alternativas. 1553 artigos foram identificados através da busca em bancos de dados com as palavras-chave “Trastuzumab”, “Breast Cancer”, “HER2+” e “Resistance”, além de todos os seus sinônimos. Após a análise de título e resumo e, posteriormente, análise na íntegra, 50 artigos foram incluídos na análise final. Nesses 50 artigos, foram encontrados 86 mecanismos de resistência totais, sendo 59 diferentes entre si e classificados em 5 tipos: I) Obstáculos que previnem a ligação do trastuzumabe à HER2; II) Suprarregulação de vias *downstream* de HER2; III) Sinalização alternativa (também suprarregulando vias *downstream* de HER2); IV) Alteração de outras vias de proliferação; V) Alteração de vias apoptóticas. Dentre os mecanismos de resistência classificados como obstáculos para a ligação do trastuzumabe, destacam-se receptores HER2 com a mutação p95, baixos níveis de HER2 e testes falsos positivos para HER2. Entre os mecanismos de suprarregulação, temos a alta expressão do próprio HER2, mutações nas proteínas PI3K e a baixa expressão de PTEN, todos resultando na superativação da via PI3K/AKT/mTOR. Essa via também pode ser ativada alternativamente pela alta expressão dos outros receptores do grupo HER (HER1, HER3) ou por alta expressão de IGF-1 (Fator de crescimento semelhante à insulina tipo 1). Outros mecanismos incomuns ou mal compreendidos geram resistência ao trastuzumabe, como RNAs longos não codificantes, microRNAs e fatores de transcrição, que atuam na regulação transcricional e em procesos como a autofagia, além de interferirem na sinalização celular. Estes resultados abrem caminho para identificação de genes candidatos que possam ser usados em testes de previsão de resistência ao trastuzumabe, e assim reduzir os custos, financeiros e emocionais, associados a não resposta ao tratamento.

**Palavras-chave:** Herceptin, ERBB2, neoplasia mamária, resistente



## EDUCAÇÃO AMBIENTAL COMO FERRAMENTA CONTRA O TRÁFICO DE ANIMAIS SILVESTRES

Ana Julia Cunha<sup>1,2\*</sup>, Andrea Rita Marrero<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Mestrado Profissional em Ensino de Biologia em Rede Nacional, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*anajuliac.bio@gmail.com

<sup>2</sup>Grupo de Genética Populacional Forense, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil

### Resumo

Dadas as dimensões continentais do Brasil, com mais de 8 milhões de km<sup>2</sup>, o país apresenta uma das maiores coberturas florestais do mundo. Considerado um dos mais biodiversos do planeta abriga cerca de 10 a 20% da biota total da Terra, com estimativas de 104.546 espécies animais e 43.893 espécies vegetais conhecidas. Tal riqueza desempenha um papel ecológico importante na manutenção do equilíbrio ambiental, fundamental para a sobrevivência das espécies. As espécies, por sua vez, desempenham serviços ambientais essenciais como a regulação dos gases da atmosfera e clima, participação dos ciclos da água e carbono, proteção de zonas costeiras e estuárias, geração de solos férteis, dispersão de sementes, polinização, herbivoria, reciclagem de material orgânico e filtração de poluentes. Porém muitas são as ameaças que afetam, direta ou indiretamente, a biodiversidade da fauna silvestre nativa como a perda de habitat como poluição por agrotóxicos, tráfico, caça, impacto das estradas e introdução de espécies exóticas. Diante disto, o presente trabalho propõe acompanhado da Educação Ambiental e o Ensino de Biologia somar esforços para auxiliar no combate às ameaças contra a fauna, desenvolvendo um Guia de Atividades de Educação para professores utilizarem em seus espaços educacionais e comunitários. Para tanto, foram elaboradas cinco atividades com enfoque nas principais ameaças contra a biodiversidade brasileira a fim de auxiliar na prevenção de crimes ambientais bem como na preservação e conservação das espécies nativas do Brasil. Uma das atividades intitulada “Quem mexeu no meu ninho?” tem como tema o tráfico de animais silvestres e propõe uma atividade organizada em dois momentos. No primeiro momento, os alunos participam de uma dinâmica simulando um flagrante de tráfico de animais. Em seguida, no segundo momento, os alunos devem pensar em possíveis maneiras de identificar as espécies recolhidas no flagrante por meio dos ovos, partes do animal ou o animal vivo. Para isso os alunos precisam utilizar os conceitos estudados em genética como hereditariedade, material genético, DNA, bem como conceitos de ecologia como espécie e classificação dos seres vivos já estudados anteriormente. Desta forma, cria-se uma prática que inclui um tema da educação ambiental, alguns conteúdos do ensino de biologia e o exercício do método científico por meio de uma abordagem investigativa. Contudo, espera-se que os professores se tornem multiplicadores destes saberes, aumentando progressivamente o alcance das mensagens de preservação e conservação da fauna, bem como da natureza como um todo.

**Palavras-chave:** Guia de Educação Ambiental, ameaças contra a fauna, Educação Ambiental, ensino de biologia.



## FITOTOXICIDADE DE EXTRATOS AQUOSOS OBTIDOS DE RESÍDUOS AGROINDUSTRIAIS APLICADOS EM PEPINO (*C. SATIVUS*)

Bianca D'arck Melo Cavalcante<sup>1\*</sup>, Thamarys Scapini<sup>2</sup>, Aline Frumi Camargo<sup>2</sup>, Alessandro Ulrich<sup>2</sup>, Robson Marcelo Di Piero<sup>1</sup>, Helen Treichel<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Fitopatologia, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil -  
\*biancaadarck@gmail.com

<sup>2</sup>Laboratório de Microbiologia e Bioprocessos, Universidade Federal da Fronteira Sul, Erechim, Rio Grande do Sul, Brasil

### Resumo

As plantas daninhas impactam negativamente a cultura de interesse no campo devido à relação de competição e parasitismo, causando perdas econômicas. Contudo, fontes alternativas são necessárias para reduzir a utilização de herbicidas sintéticos para o controle de plantas daninhas, visto que há uma tendência global de redução ao uso de agroquímicos. Tendo em vista a necessidade de novos compostos com potencial herbicida, o objetivo deste trabalho é avaliar o extrato aquoso obtido de resíduos agroindustriais e seu efeito fitotóxico em plantas pepino (*Cucumis sativus*). Para isso, foi realizada a fermentação submersa (72 h, 120 rpm e 28 °C) com casca de laranja e camarão e os fungos *Trichoderma koningiopsis* e *Rhizopus stolonifer* ( $10^7$  esporos mL<sup>-1</sup>), separadamente. Os extratos foram filtrados e aplicados (aproximadamente 5 mL) na superfície foliar da planta, com auxílio de pincel, aos 10 dias após a semeadura, em estágio II de desenvolvimento. Para fins de controle, utilizou-se um extrato contendo apenas o meio de cultivo não fermentado pelos microrganismos e água destilada como testemunha. Foi realizado delineamento completamente casualizado (DCC), com o total de 4 tratamentos e 4 repetições. Após 15 dias da aplicação dos extratos, foi avaliado o efeito fitotóxico nas folhas de pepino em relação às áreas com sintomas (despigmentação total, necrose e amarelamento) através do *software* Compu Eye, Leaf & Symptom Area. Os extratos apresentaram elevada fitotoxicidade quando comparados com a testemunha, visto que as folhas das plantas tratadas com água destilada não apresentaram quaisquer sintomas. Além disso, as folhas tratadas com os extratos produzidos pela fermentação com *T. koningiopsis* e *R. stolonifer* apresentaram área foliar despigmentada (34,7 e 24,9 %, respectivamente), necrótica (29,4 e 20,1 %, respectivamente) e amarelada (20,7 e 22,4 %, respectivamente), tendo uma área foliar consideravelmente menos sadia que o controle. Esses resultados sugerem que os extratos apresentam efeito fitotóxico e são passíveis de aplicação em pepino, portanto, testes com plantas daninhas devem ser realizados para avaliar o potencial bioherbicida dos extratos.

**Palavras-chave:** Bioherbicida, fitotoxicidade, resíduos agroindustriais.



## IDENTIFICAÇÃO IN SÍLICO DE BACTERÍOFAGOS A PARTIR DE TRÊS ABORDAGENS DE CLASSIFICAÇÃO

Jaime Nunes Leal<sup>1\*</sup>, Eric Kazuo Kawagoe<sup>1</sup>, Guilherme Augusto Maia<sup>1</sup>,  
Renato Simões Moreira<sup>1 2</sup>, Vilmar Benetti Filho<sup>1</sup>, Glauber Wagner<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Microbiologia, Imunologia e Parasitologia, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*jaimenunesleal@gmail.com

<sup>2</sup>Departamento de Produção Animal, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil

### Resumo

Os bacteriófagos, comumente chamados de fagos, são vírus intracelulares obrigatórios capazes de infectar arqueas e bactérias. A interação entre bacteriófagos e hospedeiros pode impactar o setor farmacêutico, alimentício e ciclos biogeoquímicos. Esse trabalho teve como objetivo analisar a variação entre os resultados de predição de bacteriófagos ambientais utilizando diferentes programas de predição viral. A amostra controle foi composta de 927 genomas completos, obtidos do NCBI/GenBank, os quais foram utilizados para uma simulação de montagem de sequenciamento metagenômico através do programa ART. Os dados brutos de amostras ambientais foram obtidos do NCBI/SRA e representam amostras coletadas em Ganzi (China), Mar Mediterrâneo (Europa) e Santa Mônica (EUA). Os dados brutos passaram por uma etapa de controle de qualidade e montagem metagenômica pelos programas Trimmomatic e metaSPAdes, respectivamente. Predições de bacteriófagos para as montagens foram realizadas pelos programas VirFinder, VirSorter e MARVEL. Dos 927 bacteriófagos utilizados na montagem da amostra controle, o VirFinder encontrou 633 fagos (68%) em menos de uma hora de processamento, o ViSorter identificou 530 fagos (57%) em cerca de dez horas de análise e o MARVEL retornou 432 fagos (47%) em nove horas de processamento. Para as amostras ambientais, os programas foram capazes de identificar bacteriófagos apenas na amostra do Mar Mediterrâneo. O VirFinder identificou oito fagos, sendo sete destes da família Siphoviridae classificados como bacteriófagos não cultivados do Mar Mediterrâneo e um referente a família Microviridae. O VirSorter identificou apenas um bacteriófago da família Microviridae, enquanto o MARVEL identificou sete bacteriófagos, todos da família Siphoviridae classificados como não cultivados do Mar Mediterrâneo. Os programas VirFinder e MARVEL identificaram quatro bacteriófagos exclusivos, não identificado por nenhum outro programa. O programa que obteve melhor desempenho em relação ao tempo de processamento e identificação de organismos para todas as amostras foi o VirFinder. A amostra do Mar Mediterrâneo faz parte de um estudo sobre o viroma, o que evidencia que as etapas pré sequenciamento são essenciais para uma identificação mais precisa. Os programas apresentaram resultados distintos em suas análises que podem ser utilizadas de forma complementar para uma melhor interpretação da diversidade da amostra.

**Palavras-chave:** Bioinformática, Metagenômica, Predição, Vírus.



## SYSTEMATIC REVIEW AND META-ANALYSIS OF *HUMAN LEUKOCYTE ANTIGEN G* +3142 C/G POLYMORPHISM AND DISEASES

Mari Dalva Staffen<sup>1\*</sup>, Clisten Fátima Staffen<sup>1</sup>, Bibiana Sgorla de Almeida<sup>2</sup>, Yara Costa Netto Muniz<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Biologia Celular, Embriologia e Genética, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*maristaffen@yahoo.com.br

<sup>2</sup>Laboratório Multiusuário de Estudos em Biologia, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil

### Abstract

Human Leukocyte Antigen-G (HLA-G) is an immune checkpoint molecule that plays a role in immunosuppression by different mechanisms. Variations in the 3' untranslated region (3'UTR) could affect microRNA (miRNA) binding and HLA-G messenger ribonucleic acid (mRNA) stability; this variability has been potentially associated with the magnitude of gene expression. The single nucleotide polymorphism (SNP) at position +3142 C/G (rs1063320) may influence the binding of specific miRNAs, which are small RNA (20-22 nucleotides) able to suppress gene expression, by inducing the mRNA cleavage or translation suppression. The presence of a guanine at position +3142 increases the affinity for specific microRNAs (hsa-miR-148a, hsa-miR-148b, and hsa-miR-152), leading to increased mRNA degradation and downregulating HLA-G expression. However, the association between *HLA-G* 3'UTR +3142 C/G with morbidity and/or susceptibility to diseases is still considered inconclusive, with conflicting results among studies. Therefore, we carried out a systematic review followed by a meta-analysis of all association studies already published for the +3142 C/G polymorphism to explore their association with several disorders, aiming to overcome variations in studies and identify significant patterns from published data. A systematic review of the literature was performed in PubMed and SciELO databases, followed by a meta-analysis of all association studies already published for the +3142 C/G polymorphism to explore their association with several disorders. Fifty-one studies were included in the present meta-analysis. We verified association between +3142 C/G and clinical situations/diseases in the following situation: the presence of +3142 allele C as a risk factor in Kidney Transplant Rejection (OR = 1.34; 95% CI = 1.02-1.76; p = 0.033). In conclusion, the meta-analysis performed in the present studied, the polymorphic site +3142 cannot be used as a sole genetic marker for disease susceptibility. Noteworthy, this is the first study to exploit the association of HLA-G +3142 C/G polymorphisms with different diseases/clinical situations. Here, we demonstrated the fact that a likely combination of post-transcriptional regulatory elements represents the best initial choice when conducting research, instead of single polymorphisms. Thus, providing a more comprehensive and reliable foundation about the genetic marker, confirming the importance of our result in this systematic review and meta-analysis in future research about polymorphic associations.

**Keywords:** *HLA-G*, Non-classical HLA, 3'Untranslated Region, Genetic Polymorphisms.



## **HLA-G +3187 A/G POLYMORPHISM AND PATHOLOGICAL CONDITIONS: EVIDENCES FROM A SYSTEMATIC REVIEW AND META-ANALYSIS**

Clisten Fátima Staffen<sup>1\*</sup>, Mari Dalva Staffen<sup>1</sup>, Bibiana Sgorla de Almeida<sup>2</sup>, Yara Costa Netto Muniz<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Biologia Celular, Embriologia e Genética, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*clistenstaffen@gmail.com

<sup>2</sup>Laboratório Multiusuário de Estudos em Biologia, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil

### **Abstract**

Different studies have demonstrated that human leukocyte antigen-G (HLA-G), a non-classical major histocompatibility complex class I (MHC-I) antigens, has a role in immune response regulation. Post-transcriptional regulatory elements described at the 3' untranslated region (3'UTR) of the HLA-G gene may modulate mRNA by microRNA (miRNA) binding and/or modifying mRNA stability leading to increased mRNA degradation and reduction of HLA-G production. The polymorphic site +3187 A/G is located near an adenine and uridine (AU)-rich motif that mediates mRNA degradation. The presence of an Adenine was associated with decreased mRNA stability because of its proximity to an AU-rich motif, downregulating *HLA-G* expression, and playing an important role in the pathophysiological conditions. A systematic review of the literature followed by a meta-analysis was performed. Articles about the association between +3187 A/G polymorphism and pathological conditions were collected from PubMed and SciELO databases. The results revealed that the HLA-G +3187 allele A was associated with risk in the group diseases/clinical situations associated with hypothetical high HLA-G expression, comprised of articles about cancer and infectious diseases (OR = 1.18; 95% CI = 1.01-1.39; p = 0.03). In the further stratified analyses, we found significant results considering the allele A as a risk factor for the group called Recurrent Pregnancy Loss (OR = 1.30; 95% CI = 1.01-1.67; p = 0.04). This systematic review and meta-analysis were designed to provide evidence of the risk association between +3187 A/G polymorphism and pathological conditions and two risk associations with the A allele have been observed. Our results point to new perspectives of evaluation polymorphic sites, suggesting that the complete HLA-G 3'UTR segment should be analyzed in terms of disease association, because this segment may modify gene expression and consequently the action of the HLA-G molecule in diseases.

**Keywords:** Major histocompatibility complex (MHC), *HLA-G* gene, cancer and infectious diseases, Recurrent Pregnancy Loss.



## DISFUNÇÃO CARDÍACA NA SEPSE: O ENVOLVIMENTO DOS DISCOS INTERCALARES

Maria Luísa da Silveira Hahmeyer<sup>1\*</sup>, Jamil Assreuy<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*mlhahmeyer@gmail.com

### Resumo

A sepse é uma condição que ameaça a vida ocasionada pela disfunção orgânica advinda da resposta imune desregulada do hospedeiro frente a uma infecção. A disfunção cardiovascular é a principal disfunção decorrente da sepse e o óxido nítrico (NO) tem papel relevante na fisiopatologia dessa condição. Apesar de ser amplamente estudada no meio científico, a sepse possui mecanismos fisiopatológicos complexos, de forma que ainda não há um tratamento específico para essa síndrome. As causas da disfunção cardíaca até agora não foram completamente elucidadas e uma possibilidade interessante é a participação dos discos intercalares (DI), estruturas que tem papel fundamental na transmissão elétrica e iônica, permitindo a contração sincronizada dos cardiomiócitos. O objetivo desse estudo é verificar a participação dos DI e do NO na disfunção cardíaca da sepse. Utilizou-se o modelo de cirurgia de ligadura e perfuração do ceco (CLP) para a indução da sepse em ratas (2291220319 CEUA/UFSC). Coração e sangue foram coletados em 6, 12 e 24 horas após o CLP. O coração foi imunomarcado com a proteína N-caderina, importante elemento estrutural dos DI e averiguado quanto aos níveis de S-nitrosilação. No sangue foram feitas dosagens de marcadores de danos de órgãos e níveis de nitrito+nitrato. A imunomarcagem para N-caderina atingiu o pico em 12 horas após a sepse, mostrando uma tendência de retorno ao normal 24 horas após a cirurgia. A marcação da S-nitrosilação aumentou nos corações sépticos após 12 horas. Para avaliar diretamente o papel do NO na desestruturação da marcação da N-caderina, animais não-sépticos foram tratados com um doador de NO, o S-nitroso-Nacetilpenicilamina (SNAP) e o coração foi coletado 6 horas após. Adicionalmente, para avaliar o potencial resgate da morfologia dos DI, outro grupo de animais normais foi tratado com o agente desnitrosilante, 5,5-ditio-bis-(2-ácido nitrobenzoico); (DTNB) 3 horas após a administração de SNAP. O tratamento com SNAP desestruturou a imunomarcagem para N-caderina dilatando a estrutura dos DI. O DTNB reverteu parcialmente o efeito do SNAP. Nossos resultados sugerem que o papel da N-caderina nos mecanismos que envolvem a fisiopatologia da sepse parece ser inicial e mais correlacionado com a morbidade do que com a mortalidade desta síndrome. A dilatação dos DI vista na sepse e reproduzida em animais tratados com um doador de NO permite a especulação de que esta desestruturação dos discos seja elemento importante para a disfunção cardíaca e torna os DI alvos interessantes para novas investigações acerca da fisiopatologia da sepse.

**Palavras-chave:** Sepse, N-caderina, óxido nítrico, nitrosilação.



## REDUÇÃO DE *SALMONELLA ENTERITIDIS* EM CAMAS DE AVIÁRIO COM USO DE UM BACTERÍOFAGO LÍTICO

Paula Rogovski<sup>1\*</sup>, Raphael Silva<sup>1</sup>, Rafael Dorighello<sup>1</sup>, Estêvão Brasiense de Souza<sup>1</sup>, Aline Viancelli<sup>2</sup>, Gislaine Fongaro<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Virologia Aplicada, departamento de Microbiologia, Imunologia e Parasitologia, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*paularogovski@gmail.com

<sup>2</sup>Universidade do Contestado, Concórdia, Santa Catarina, Brasil

### Resumo

Dentre os numerosos fatores que dificultam a criação de aves ao redor do mundo, patógeno como o grupo das enterobactérias podem ser citados. Dentre estes, especial atenção deve ser destinada às *Salmonellas*, devido principalmente a seu potencial zoonótico e resistência ambiental. Dentre estas, *Salmonella enteritidis* está associada a inúmeros casos de gastroenterites entre animais e humanos, causando prejuízos econômicos e sociais em escala global. O aumento da resistência aos antibióticos também representa um agravante na batalha contra as contaminações bacterianas em diferentes contextos, ressaltando a importância do controle da circulação ambiental deste patógeno. No presente estudo, amostras de esterco de suíno foram usadas para isolamento de um fago F-específico (fago S.M.1), usando o ensaio de placa de duplo-ágar. Amostras de cama de aviário foram testadas para ausência de contaminações de *Salmonella* spp. antes de seu uso. Dois conjuntos experimentais foram realizados: (I) Tratamento (12h) (II) Re-tratamento (com segunda aplicação). Para isso, camas de aviário livres de *Salmonella* spp., foram colocadas com camada de 1cm em recipientes adequados e contaminadas com  $2,5 \times 10^5$  unidades formadoras de colônias (UFC mL<sup>-1</sup>) de *Salmonella enteritidis*, em duplicatas independentes. Após aclimação, as camas foram tratadas com  $1,8 \times 10^6$  PFU mL<sup>-1</sup> de fago S.M.1 por gotejamento. Os controles do experimento foram: (i) cama de aviário sem inoculação de *S. enteritidis*; (ii) cama de aviário com inoculação de *S. enteritidis* e sem aplicação do fago S.M.1. Para fins de quantificação, em cada momento de avaliação, a redução de *Salmonella enteritidis* foi observada usando o meio diferencial seletivo XLD ágar. O gotejamento do fago S.M.1 foi capaz de controlar a *Salmonella* nas primeiras 6 horas (redução de 4log<sub>10</sub> UFC/g) das bactérias, entretanto, *S. enteritidis* apresentou novo crescimento 7 horas após o tratamento com fago. No segundo conjunto experimental, as seguidas aplicações do bacteriófago foram capazes de reduzir 3 log<sub>10</sub> UFC/g de *S. enteritidis* em comparação com a amostra não tratada. A reaplicação mostrou ser capaz de controlar colônias remanescentes que não foram alcançadas pelos bacteriófagos. Esta forma de aplicação sequencial também é utilizada em tratamentos com o uso outros controladores microbianos, entretanto outras alternativas devam ser investigadas. Este estudo destaca a eficácia das reaplicações do fago S.M.1 contra contaminações por *S. enteritidis* em amostras ambientais, como cama de aviário, bem como a necessidade de investigações sobre estabilidade, genoma e MOI utilizados.

**Palavras-chave:** Fago terapia, aplicação ambiental, contaminação por *Salmonella enteritidis*.





## MODULATION OF *MAP1LC3* DURING DEVELOPMENT OF *MACROBRACHIUM OLFERSII* AND AFTER EXPOSURE TO UVB RADIATION

Giuliam Kátia Strücker<sup>1 2\*</sup>, Thaline de Quadros<sup>1 2</sup>, Heloísa Schramm<sup>1 2</sup>, Michael Jaramillo Bobadilla<sup>1 2</sup>, Dib Ammar<sup>1 2</sup>, Evelise Maria Nazari<sup>1 2</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Reprodução e Desenvolvimento Animal, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*giuliakatia@gmail.com

<sup>2</sup>Programa de Pós-Graduação em Biologia Celular e do Desenvolvimento, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil

### Abstract

The increase in the incidence of ultraviolet B (UVB) radiation on the Earth's surface is closely related to rarefaction of the ozone layer. This radiation reaches freshwaters environments, where the prawns *Macrobrachium olfersii* live and reproduce. These prawns are essential for maintaining the cycling of organic matter in freshwater ecosystems and the changes caused by UVB radiation in this species may compromise the integrity of these natural environments. The *M. olfersii* females carry the eggs in an external brood pouch where the eggs are exposed to UVB radiation during embryonic development. Considering the premise that embryos are more susceptible to stressors than larvae and adults, the aim of this study was to quantify the transcript levels of the *MAP1LC3* gene (regulation of autophagy process), during embryonic development and after UVB radiation exposure. Adults of *M. olfersii* were collected in the Lagoa do Peri in Santa Catarina Island and maintained in aquarium to obtain ovigerous females (IBAMA's permanent approval nº 15294-1/2008). To analyze the expression of *MAP1LC3* gene during development, three embryonic days were selected: first day of development (E1); middle of morphogenesis and organogenesis (E7); last day of development (E14). To evaluate the effects of UVB radiation, embryos in E7 were irradiated for 30 minutes with an irradiance of 310 mW/cm<sup>2</sup> (to simulate the natural UVB irradiance) and analyzed 6 hours after the irradiation. The *MAP1LC3* gene was identified in the transcriptome of *M. olfersii* embryos, and the expression was analyzed by RT-qPCR, using *Rpl8* as reference gene. The results showed that the *MAP1LC3* gene was modulated throughout the development of *M. olfersii* and the autophagy was activated. The high levels of transcripts in E1 was related to maternal inheritance; In E7 the transcripts levels was lower and possibly linked to morphogenesis and organogenesis; In E14, the levels of transcripts was higher, probably for maturation of the organic systems, required for hatching. When analyzing the transcript levels of UVB-irradiated embryos the results showed a significant increase, suggesting that embryonic cells should be trying to correct cell damage by activating the autophagic machinery. We conclude that the autophagic process is necessary for the normal embryonic development of *M. olfersii* and is activated as a cellular mechanism against the damage caused by UVB radiation exposure.

**Keywords:** Autophagy, crustacean, embryo, prawn.

**Acknowledgment:** CAPES, FAPESC, CNPq and LAMEB/UFSC.



## PEN6: O MAIS NOVO MEMBRO DA FAMÍLIA DE PEPTÍDEOS ANTIMICROBIANOS PENEIDINAS

Leandra Formentão<sup>1\*</sup>, Nicolas Argenta<sup>1</sup>, Natanael Dantas Farias<sup>1</sup>, Andreia Carina Turchetto-Zolet<sup>2</sup>, Luciane Maria Perazzolo<sup>1</sup>, Rafael Diego Rosa<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Biologia Celular, Embriologia e Genética, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*leandraformentao@gmail.com

<sup>2</sup>Departamento de Genética, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, Rio Grande do Sul, Brasil

### Resumo

As peneidinas (PEN) são peptídeos antimicrobianos (AMPs) exclusivos de camarões peneídeos que apresentam uma região N-terminal rica em resíduos de prolina/arginina e seis resíduos conservados de cisteína na região C-terminal. Esses AMPs compõem uma família multigênica dividida classicamente em quatro subgrupos: PEN1/2 a PEN5. Todavia, a presença desses subgrupos em camarões é gênero-específica, sendo apenas PEN3 ubíquo na maioria das espécies. A recente publicação do genoma do camarão *Litopenaeus vannamei* possibilitou a identificação de novos efetores imunológicos, incluindo a descoberta de novas classes de AMPs. Tendo em vista a disponibilidade desses recursos, o objetivo deste trabalho foi explorar a diversidade da família das peneidinas. A partir da mineração de dados, quatro sequências codificantes de PEN foram encontradas. Além dos três subgrupos descritos em *L. vannamei* (*Litvan* PEN1/2, -3 e -4), uma nova sequência foi identificada. O precursor aminoacídico da nova PEN apresenta uma assinatura molecular distinta dos demais subgrupos e se caracteriza pela presença de um peptídeo sinal seguido por um peptídeo catiônico de 7,2 kDa. Análises filogenéticas confirmaram que se trata de um novo subgrupo de PEN, o qual foi batizado de PEN6. Análises de expressão gênica por RT-PCR semiquantitativa mostraram que a PEN6 de *L. vannamei* (*Litvan* PEN6) é majoritariamente expressa pelos hemócitos, as células imunológicas dos camarões. Análises de quantificação absoluta de transcritos mostraram que o nível de expressão basal de *Litvan* PEN3 nos hemócitos é cerca de 104 vezes superior às demais PEN, incluindo *Litvan* PEN6. Assim como os demais membros dessa família, a expressão de *Litvan* PEN6 não se mostrou modulada nos hemócitos após 48 h de uma infecção com patógenos de importância aquícola, a bactéria *Vibrio harveyi* e o vírus WSSV. A mineração de dados “ômicos” revelou a presença de um novo subgrupo de PEN duas décadas após a descrição do primeiro representante da família. Além da assinatura molecular única, essa descoberta tem suporte filogenético. O perfil transcricional de PEN6 é semelhante às demais PEN e é possível que esses peptídeos também sejam armazenados nos hemócitos e liberados na hemolinfa em resposta a infecções microbianas.

**Palavras-chave:** imunidade de invertebrados, *Litopenaeus vannamei*, mineração de dados, peneidinas.



## LINOLEIC ACID TOLERANCE OF *LACTOBACILLUS DELBRUECKII* SUBSP. *BULGARICUS* 2230 OLEH-OVEREXPRESSING *E. COLI*

Gabriela Christina Kuhl<sup>1 2\*</sup>, Daniel de Oliveira Patrício<sup>2</sup>, Ricardo Ruiz Mazzon<sup>2</sup>, Juliano De Dea Lindner<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Ciência e Tecnologia de Alimentos, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*gabickuhl@gmail.com

<sup>2</sup>Departamento de Microbiologia, Imunologia e Parasitologia, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil

### Abstract

Conjugated linoleic acid (CLA) has attracted attention in recent decades because of its health benefits. CLA is an intermediate product of the biohydrogenation pathway of linoleic acid (LA) in bacteria. Several bacterial species capable of converting LA to CLA have been widely reported in the literature, among them *Lactobacillus delbrueckii* subsp. *bulgaricus* 2230. A screening to identify bacterial LA tolerance has been suggested as a parameter to consider CLA synthesis. Over the last years, it has been proposed a hypothesis of a multi-component enzymatic system consisting of three enzymes involving the biohydrogenation process of LA. The *L. bulgaricus* 2230 genome sequencing revealed only the gene capable of encoding an oleate hydratase (Oleh) enzyme. In the current study, the biological effect of Oleh of *L. bulgaricus* 2230 in LA tolerance was investigated. The assay was conducted evaluating the growth kinetics of the strain overexpressing Oleh enzyme in a LA-rich medium. *L. bulgaricus* 2230 *oleH* gene was cloned into expression vectors and introduced into the receptor strain *Escherichia coli* BL21 (DE3) under the control of an inducible promoter. In order to assess the LA tolerance of *E. coli*, the ability of culture to grow was evaluated in LB broth supplemented with 0.1, 0.5 and 1.0 mg/mL LA. *E. coli* culture not induced by IPTG, served as negative control. Cultures without LA supplementation, served as positive controls. The results showed that the *L. bulgaricus* 2230 Oleh protein plays a role in bacteria stress tolerance. At 0.1 mg/mL LA growth showed no significant difference compared to the positive control. However, at 0.5 and 1.0 mg/mL LA concentrations growth was significantly different ( $p = <0,0001$ ) compared to the positive control, indicating that the inhibitory concentration starts from the concentration 0.5 mg/mL LA. In the 0.5 mg/mL the bacteria increased exponentially with time. The growth variation between IPTG treated and the positive control was not significantly different. While compared to negative control, both IPTG treated and the positive control cultures showed significant differences ( $p < 0.0001$ ). This data suggests that the presence of Oleh in the medium, increased LA tolerance by the culture in this concentration. Although IPTG treated culture has been shown to be significantly ( $p < 0.0001$ ) tolerant to LA at 1.0 mg/mL concentration, the cell growth appears to have been partially inhibited. There was a substantial occurrence of growth compared to negative control, but when compared to the positive control, the growth variation also showed significant difference ( $p < 0.0001$ ).

**Keywords:** Oleate hydratase, *Lactobacillus* ssp., LA tolerance, Conjugated linoleic acid



## DISFUNÇÃO ORGÂNICA INDUZIDA POR CHOQUE HEMORRÁGICO EM RATOS

Filipe Rodolfo Moreira Borges de Oliveira<sup>1\*</sup>, Hanna Pillmann Ramos<sup>1</sup>, Daniel Fernandes<sup>1</sup>, Regina Sordi<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Farmacologia, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil -  
\*filipe.rodolfo4@gmail.com

### Resumo

O choque hemorrágico (CH) é uma condição comumente associada à falência de múltiplos órgãos (FMO) e representa uma das principais causas de morte entre adultos jovens. Modelos animais que mimetizam a FMO induzida por CH são bastante utilizados para o estudo dos mecanismos fisiopatológicos, assim como a investigação de possíveis terapias. Entretanto, ao padronizar um modelo experimental de CH, pesquisadores encontram uma grande variedade de métodos na literatura, o que gera confusão para estabelecer parâmetros que serão aplicados. Portanto, o objetivo desse estudo foi esclarecer e identificar a influência de algumas variáveis do modelo (esquema anestésico, duração do choque, tempo em fase de descompensação e tempo após a reperfusão) em marcadores bioquímicos de danos de órgãos. Para isto, ratos foram anestesiados com tiopental ou cetamina/xilazina e submetidos ao protocolo de CH. Após canulação da artéria e veia femorais, o sangue dos animais era retirado numa taxa de 1 mL/min até que a pressão arterial atingisse  $40 \pm 2$  mmHg. Os animais foram mantidos com esse valor pressórico por 60 ou 90 min e, ao final desse período, foram reperfundidos com o sangue retirado. A duração da fase de descompensação, ou seja, o tempo a partir do momento em que o animal perdia a capacidade de ativar mecanismos reflexos para aumentar ou manter a pressão arterial, foi quantificado. Quatro ou 24 horas após, sangue foi coletado para determinar marcadores de danos hepáticos e renais. Foram observados aumentos de aspartato (AST) e alanina (ALT) aminotransferases e creatinina em animais que foram submetidos a um CH de 90 min, mas não em 60 min. Animais anestesiados com cetamina/xilazina apresentaram valores mais elevados de aminotransferases hepáticas quando comparados com animais anestesiados com tiopental, sugerindo um dano hepático mais grave naquele grupo. Em relação ao tempo de análise, AST pareceu estar um pouco mais elevada 4 horas após o procedimento do que 24 horas. O tempo de descompensação foi diretamente correlacionado com o dano hepático, mas não com a disfunção renal. Em conclusão, o tempo mínimo necessário em condições de choque para que a FMO seja detectada através de marcadores plasmáticos neste modelo experimental é de 90 min, e o esquema anestésico e tempo em fase de descompensação têm influência direta neste desfecho. Todos os protocolos experimentais foram aprovados pelas Comissões de Ética em Uso de Animais da Universidade Federal de Santa Catarina e da Universidade Estadual de Ponta Grossa (n° 7396250219 e 048/2015, respectivamente).

**Palavras-chave:** Choque hipovolêmico, trauma, modelo animal, falência orgânica.



## GENÔMICA COMPARATIVA DE SOROVARES DE *LEPTOSPIRA INTERROGANS* COM ENFOQUE EM FATORES DE VIRULÊNCIA

Andressa Penedo de Paiva Estrella<sup>1 2\*</sup>, Vilmar Benetti Filho<sup>2</sup>, Glauber Wagner<sup>2</sup>, Ricardo Ruiz Mazzon<sup>1 2</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Genética Molecular de Bactérias, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*andressapestrella@gmail.com

<sup>2</sup>Departamento de Microbiologia, Imunologia e Parasitologia, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil

### Resumo

*Leptospira interrogans* é uma espiroqueta gram-negativa e uma das bactérias causadoras da leptospirose, uma doença de suma importância devido a sua distribuição mundial e sua especial prevalência na região sul do Brasil. A leptospirose também possui uma grande importância na pecuária, tendo em vista que é capaz de afetar bovinos, suínos e ovinos, causando diversos problemas, que se traduzem em perda financeira de pecuaristas. A capacidade de *L. interrogans* evadir o sistema imune está intimamente associada à presença de fatores de virulência. Apesar de sua imensa importância, pouco se sabe sobre os mecanismos de regulação da expressão gênica destes fatores de virulência. Também, a inferência de genes ortólogos é a fundação de trabalhos de genômica comparativa, sendo ainda importante para a anotação funcional de novos genomas. Este trabalho propõe caracterizar o pan-genoma de *L. interrogans*. Para isso, foi feita uma análise de ortologia com 16 linhagens depositadas no NCBI com genoma completamente sequenciado, utilizando-se para isso o programa OrthoFinder. Como resultados preliminares foram identificados um total de 63618 genes, pertencendo a 4776 ortogrupos. Sendo 1633 ortogrupos pertencentes ao genoma acessório, ou seja, genes que não estão presentes em todas as linhagens, com 105 (0,2%) destes genes pertencentes a ortogrupos linhagem-específicos. 3143 genes estão presentes em todas as linhagens, portanto compoem o genoma central. Dos 31 fatores de virulência descritos para *L. interrogans*, 8 deles (2 flagelinas, 3 hemolisinas, 1 metaloprotease termolisina, e 2 proteínas associadas à interação patógeno-hospedeiro) fazem parte do genoma acessório. Ou seja, 23 fatores de virulência fazem parte do genoma central. Será feita ainda a comparação da arquitetura das linhagens escolhidas, e a re-anotação do genoma de *L. interrogans* sv. Copenhageni linhagem L1-130 em busca de reconhecer novos genes de interesse. Também pelo sucesso de estudos envolvendo proteômica dependerem de anotações corretas do genoma. Sendo escolhido o sorovar Copenhageni por ser este o principal causador de leptospirose humana no Brasil. Será feita também uma análise de componentes principais com a distribuição das linhagens nos ortogrupos, visando associar os grupos formados com características fenotípicas destas linhagens, como por exemplo sua virulência, ou então sua distribuição geográfica.

**Palavras-chave:** Fator de virulência, ortologia, bioinformática, leptospirose.



## MOMETASONE FUROATE ADMINISTERED ORALLY PRESENT MINOR ADVERSE EFFECTS ON THE RAT GLUCOSE METABOLISM

Priscila Laiz Zimath<sup>1\*</sup>, Milena de Almenda<sup>1</sup>, Maciel de Alencar Bruxel<sup>1</sup>, Alex Rafacho<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Investigação em Doenças Crônicas, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil – \*prizimath@gmail.com

### Abstract

Glucocorticoids (GCs) are drugs widely used based on their immunosuppressive and anti-inflammatory (AI) actions. When in excess, GCs cause metabolic disturbances such as glucose intolerance, insulin resistance, and dyslipidemias. Thus, new GC ligands with the potential therapeutic application and minor adverse effects are welcome. Mometasone furoate (MF) is an AI GC used for the topic and inhaled purposes, and based on *in vitro* evidence it potentially exhibits lower metabolic side effects. To evaluate the impact of different systemic routes of treatment with MF on inflammatory and glycemic parameters on rats. Female and male Wistar rats (3-months-old) were used. We performed the carrageenan (Cg)-induced peritonitis test (500  $\mu$ /cavity, intraperitoneally (ip)) and we count the inflammatory cells present in the peritoneum 6 hours after Cg administration to evaluate the acute anti-inflammatory effect of MF and dexamethasone in rats that were previously treated with different GC doses and routes of administration. In another set of experiments, rats were daily treated for 7 consecutive days, either by oral gavage (og) or ip route, with MF (1 mg/kg, body mass) to analyze metabolic parameters. The animals were subjected to glucose tolerance test (2 g/kg ip - ipGTT), insulin tolerance test (2 IU/kg ip - ipITT), and fasting glucose and insulinemia were measured. The experimental protocols were approved by the Institutional Ethical Committee (CEUA N<sup>o</sup> 5012250518). MF administered by og and ip routes efficiently prevented the acute inflammatory process induced by Cg in both sexes. Independent of the administration route, MF treatment reduced the body mass gain and food intake in both sexes associated with reduced peripheral insulin sensitivity in female and male groups. This reduced insulin sensitivity was paralleled with hyperinsulinemia in both female rats treated with MF (ip and og routes) and male rats receiving MF through ip vial. However, the glucose intolerance was observed only in the male group receiving MF through the ip route. MF possess anti-inflammatory activity when administered through systemic routes in both sexes and has a minor impact on glucose tolerance when it is orally delivered in both sexes.

**Keywords:** Glucocorticoids, mometasone furoate, adverse effects, glucose metabolism.

**Support:** CAPES, CNPq

**Conflict:** Aché Pharmaceuticals kindly donated MF.



## PERCEPÇÕES DE ALUNOS DO ENSINO MÉDIO SOBRE EVOLUÇÃO HUMANA

Lígia Vanessa da Silva<sup>1\*</sup>, Andrea Rita Marrero<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Mestrado Profissional em Ensino de Biologia em Rede Nacional, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*ligiavsil@gmail.com

<sup>2</sup>Departamento de Genética Populacional Forense, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil

### Resumo

Evolução biológica humana continua sendo um assunto muito polêmico quando tratado na sala de aula no ensino básico. Essa polêmica se agrava somada a diversos fatores, alguns deles relativos à falta de compreensão e ideias equivocadas sobre a temática, que permeiam as ideias iniciais de que o homem veio do macaco, lacunas na formação dos professores e confusões com os conceitos de biologia evolutiva e criacionismo. O objetivo do trabalho foi avaliar a concepção dos alunos sobre a evolução humana e se as ideias iniciais eram modificadas após as aulas e discussões sobre a temática. A atividade foi realizada com uma turma de segundo ano do ensino médio, de uma Escola Estadual de Ijuí, no RS. Os alunos foram instigados a refletirem sobre a frase “o homem veio do macaco” e fizeram registros sobre suas ideias iniciais. Foi realizada aula expositiva e debates sobre a temática e após foi realizada uma atividade onde os alunos deveriam se colocar no lugar de advogados de Darwin e defendê-lo das acusações e confusões da época da publicação da teoria, utilizando as hipóteses atuais sobre evolução humana. Os resultados, na defesa, mostraram que os alunos compreenderam que Darwin foi mal compreendido, o homem não veio do macaco e sim possui um ancestral em comum, explicando que o equívoco se deve a compreensão errônea de que evolução biológica é um processo linear e novas espécies substituem outras, o que na evolução não ocorre. Essa foi a compreensão da maioria dos 22 alunos. Algumas defesas, mesmo utilizando de explicações científicas, complementaram dizendo que o homem é um ser único e especial, e que nesse sentido seria uma criação divina. Mesmo com os conceitos evolutivos compreendidos a ideia criacionista prevalece, gerando em algumas situações confusões difíceis de contornar. O resultado desse trabalho contribuiu para modificações na forma da abordagem da temática Evolução Humana na escola, instigando estudos com formatos investigativos, que estimulem nos alunos o questionamento sobre o mundo que os cerca.

**Palavras-chave:** Evolução humana, ensino médio, Darwin.



## CONTAMINAÇÃO EM CULTIVO CELULAR: UMA REVISÃO DE BOAS PRÁTICAS NO LABORATÓRIO

Giulia Galani Martha<sup>1\*</sup>, Susane Lopes<sup>2</sup>, Thaise Gerber<sup>1</sup>, Marcelo Maraschin<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil -  
\*giugalani98@gmail.com

<sup>2</sup>Laboratório Central de Microscopia Eletrônica, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil

### Resumo

Desde o surgimento da cultura celular como aliada de diversas pesquisas mundiais, o principal e maior problema encontrado por todos os pesquisadores é a contaminação celular. A contaminação pode entrar na cultura celular e estender-se por um longo período sem apresentar danos aparentes à célula, gerando maiores problemas ao detectar. Para evitar qualquer tipo de contaminação, protocolos básicos de limpeza e biossegurança devem ser adotados. Algumas das maiores contribuições para o protocolo são as técnicas de assepsia, conhecimento da sua cultura celular para identificar facilmente qualquer mudança comportamental e cuidados com materiais, pois qualquer eventual descuido pode resultar na invalidação da pesquisa. Entretanto, mesmo com diversos cuidados, contaminações podem ocorrer e causar diversos problemas como pequenos aborrecimentos, onde algumas placas são perdidas por conta da contaminação; problemas sérios, quando experimentos ou culturas inteiras são perdidos; e grandes catástrofes. Com isso, torna-se necessário a identificação do contaminante e a utilização de tratamentos celulares específicos para garantir a eliminação do agente contaminante. Mas apesar da importância da prevenção e combate à este problema, encontram-se poucas informações na literatura de como fazê-lo. Sendo assim, o objetivo do presente trabalho foi revisar a literatura para considerar os diversos tipos de contaminações em culturas celulares, bem como a forma como agem, suas principais consequências e como tratá-las. Adicionalmente, são elencados protocolos básicos para garantir a detecção, prevenção e eliminação do contaminante para minimizar diversos problemas. Os resultados demonstram que as fontes de contaminação são extremamente variadas, podendo ser geradas por agentes biológicos, químicos ou materiais. A garantia de protocolos básicos para uma boa técnica de assepsia, desinfecção de materiais e cuidados no manuseamento da cultura celular, além de manter um controle de manutenção em equipamentos e fontes de fabricação mostram-se cruciais para o trabalho laboratorial. Com todos os cuidados sendo adotados, a chance de uma contaminação torna-se mínima. Além disso, em caso de contaminação, é necessário identificar e confirmar o tipo e origem, garantindo que o tratamento e a eliminação do contaminante seja inibida. Depois, tratamentos celulares e protocolos de descontaminação devem ser iniciados. Após garantir-se de que as culturas celulares estão livres de agentes externos, recomenda-se quarentena nas mesmas, para confirmar a integridade das células. Este trabalho mostra-se uma valiosa revisão bibliográfica para guiar cientistas na criação dos respectivos protocolos, já que atualmente é um assunto pouco revisado, porém com grande relevância em qualquer pesquisa.

**Palavras-chave:** Contaminação celular, protocolo, tratamentos, prevenção.





## AVALIAÇÃO BIOTECNOLÓGICA DE EXTRATOS DE ERVA-MATE COMO POTENCIAL TERAPÊUTICO À PELE

Thaise Gerber<sup>1\*</sup>, Susane Lopes<sup>2</sup>, Giulia Galani Martha<sup>1</sup>, Daniela Sousa Coelho<sup>1</sup>, Marcelo Maraschin<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Morfogênese e Bioquímica Vegetal, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*gerberthaise@gmail.com

<sup>2</sup>Laboratório Central de Microscopia Eletrônica, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil

### Resumo

A erva-mate apresenta em sua composição polifenóis e alcaloides, sendo o ácido clorogênico, a cafeína e a teobromina seus compostos majoritários. Produtos que contêm substâncias de origem vegetal são, geralmente, explorados pela sua eficiente atividade antioxidante devido a sua capacidade de minimizar os sinais de envelhecimento cutâneo facial. Em virtude das suas propriedades fitoquímicas, a erva-mate pode ser explorada em novos produtos cosméticos. Sendo assim, o objetivo desse estudo foi avaliar de forma preliminar os extratos de erva-mate (aquoso, liofilizado e veículo) em modelos de estudo *in vitro*, visando possíveis efeitos citotóxicos, proliferativos, migratórios, estimulatórios de síntese de colágeno, utilizando fibroblastos murinos (BALB/c 3T3, clone a31). A metodologia utilizada para o conteúdo de fenólicos totais dos extratos de erva-mate foi determinado colorimetricamente utilizando-se o reagente de Folin-Ciocalteu e a atividade antioxidante foi mensurada pelo ensaio de DPPH (1,1-difenil-2-picrilhidrazil). Para avaliação da atividade biológica dos extratos, foram realizados os ensaios MTT (3-(4,5-dimetiltiazol-2-il)-2,5-difenil bromo tetrazólico), para avaliar a citotoxicidade celular através da atividade mitocondrial; síntese de colágeno e migração e proliferação celular. Os resultados preliminares demonstram que os extratos apresentam uma concentração importante de compostos fenólicos totais ( $152,64 \pm 0,29$  mg de equiv. de ácido clorogênico. g de biomassa seca de erva-mate). Além disso, os extratos demonstram uma inibição do radical DPPH• de até 81,19%. Nos ensaios de atividade biológica, o MTT revelou que em concentrações superiores a  $0,02 \text{ mg.mL}^{-1}$ , os extratos de erva-mate demonstram citotoxicidade. Adicionalmente, foi observado um incremento da síntese de colágeno (10%) quando comparado ao controle negativo, entretanto, não apresentam resultado significativo relacionado ao mecanismo de proliferação e migração celular. Tendo em vista o potencial citotóxico observado, estudos futuros serão realizados, afim de se observar outros mecanismos celulares complementares. Os extratos de erva-mate apresentam potenciais bioativos que podem ser inseridos em processos de desenvolvimento de novos produtos à pele no setor de cosméticos.

**Palavras-chave:** Erva-mate, polifenóis, alcalóides, cosméticos.



## BIOREMEDIÇÃO DO CORANTE VERDE DE MALAQUITA POR LACASES

Gabriel Bruno da Silva<sup>1</sup>, Vinicius Mateus Salvatori Cheute<sup>1\*</sup>, Thaís Marques Uber<sup>1</sup>,  
Rosane Marina Peralta<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Bioquímica de Microrganismos e de Alimentos, Universidade Estadual de Maringá, Maringá, Paraná, Brasil - \*vinimateusopo@gmail.com

### Resumo

Lacases são oxido-redutases com especificidade ampla de ação podendo oxidar diferentes substratos incluindo diferentes grupos de xenobióticos, como corantes, herbicidas, fármacos e pesticidas. O potencial redox padrão das lacases geralmente não é grande o suficiente para oxidar vários compostos xenobióticos, porém sua ação oxidativa pode ser melhorada com a utilização de mediadores, pequenas moléculas facilmente oxidáveis que podem atuar como intermediários redox entre o sítio ativo da enzima e o substrato que a enzima sozinha é incapaz de oxidar. O corante verde malaquita (VM) é um corante trifenilmetano utilizado como fungicida e é altamente tóxico para células de mamíferos. A degradação do VM tem sido relatada por lacases de fungos ligninolíticos incluindo *Trametes* sp e *Ganoderma lucidum*. O objetivo deste trabalho foi estudar o potencial de bioremediação do VM pelas lacases de *Pleurotus ostreatus*, *Pleurotus pulmonarius* e *Trametes versicolor* na ausência e presença de três diferentes mediadores: acetilacetona, ácido violúrico e hidroxibenzotriazol (HBT). Para obtenção das lacases, os fungos foram cultivados em estado sólido utilizando resíduo da pupunheira como substrato. Após 6 dias de cultivo, as lacases foram extraídas com água, filtradas em gaze e centrifugadas a 1800g por 15 min. Os sobrenadantes límpidos foram considerados como extratos brutos de lacase. Para avaliar a ação das lacases na degradação do VM, as enzimas foram adicionadas à soluções a 100 ppm do VM e as misturas foram incubadas à 40 °C por até 24 h. Periodicamente a absorbância da solução foi avaliada em espectrofotômetro a 620 nm. Os testes de toxicidade foram realizados com sementes de alface (*Lactuca sativa*). O bioensaio foi conduzido usando VM não tratado e tratado com lacase. Placas de Petri (90 mm de diâmetro), contendo papel de filtro saturado com 3 mL de várias amostras ou água (controle), receberam vinte sementes. Após 5 dias, avaliou-se o crescimento das radículas na presença do corante sem tratamento e com os corantes pós diversos tratamentos com lacases ou com sistemas lacase-mediador. Todas as lacases foram capazes de promover uma redução de 50% na absorbância do VM após 24 h. A adição dos mediadores aumentou a descoloração do VM, sendo o ácido violúrico o mediador que mais eficiente. As análises com sementes de alface mostraram uma redução significativa da fitotoxicidade do VM após o tratamento com as lacases.

**Palavras-chave:** biodegradação, fitotoxicidade, lacase, mediadores



## PERFIL INFLAMATÓRIO E OXIDATIVO DE AGRICULTORES EXPOSTOS OCUPACIONALMENTE À AGROTÓXICOS NO MUNICÍPIO DE MARAVILHA/SC

Mariane Magalhães Zanchi<sup>1\*</sup>, Katiuska Marins<sup>1</sup>, Filomena Marafon<sup>2</sup>, Ariane Zamoner<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Programa de Pós graduação em Farmácia, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*anezanchi@hotmail.com

<sup>2</sup>Programa de Pós graduação em Bioquímica, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil

<sup>3</sup>Departamento de Bioquímica, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil

### Resumo

O Brasil lidera o ranking de maior consumidor de agrotóxicos do mundo. Segundo o Relatório Nacional de Vigilância em Saúde de Populações Expostas a Agrotóxicos (2018) houve aumento no número de notificações por intoxicações por agrotóxicos no período de 2007 a 2015, consequência do aumento da comercialização desses produtos e da melhoria da atuação da vigilância e assistência à saúde. Os problemas de saúde mais graves relacionados à intoxicação por agrotóxicos acometem principalmente trabalhadores rurais, que utilizam a aplicação intensiva desses produtos como principal medida de controle de pragas. O objetivo desse estudo foi avaliar o perfil inflamatório e oxidativo de agricultores expostos ocupacionalmente à agrotóxicos, a fim de garantir a promoção e prevenção da saúde do trabalhador rural. Esse projeto foi aprovado pelo Comitê de ética e pesquisa em humanos n° 16109719.3.0000.0121. Para realização desse estudo, foram selecionados trabalhadores rurais do município de Maravilha/SC, expostos ocupacionalmente à agrotóxicos para o grupo exposto (n=28), e indivíduos não expostos para o grupo controle (n=25). Amostras de sangue foram coletadas e devidamente processadas para avaliação do perfil oxidativo, através do método de TBARS e atividade das principais enzimas antioxidantes, superóxido dismutase (SOD) e catalase (CAT). Para avaliar o perfil inflamatório, quantificamos citocinas pró-inflamatórias no soro dos indivíduos (IL-6, IL1- $\beta$  e TNF- $\alpha$ ) através do método de ELISA. Análises estatísticas foram realizadas através do teste t Student, pelo programa SPSS. Os resultados foram expressos como média +- erro padrão, e p<0,05 foi considerado significativo. Os agrotóxicos mais utilizados pelos agricultores foram os herbicidas e fungicidas, com destaque para o glifosato. Nossos resultados demonstraram um aumento na atividade da enzima SOD (86,69+-6,8, p=0,034) e redução da atividade da enzima CAT (52,32+-4,5, p=0,007), no grupo de agricultores expostos à agrotóxicos, quando comparado ao grupo controle (65,31+-6,9 e 71,16+-5,0, respectivamente). Não foi encontrado diferença significativa para TBARS. Em relação ao perfil inflamatório, a concentração da interleucina IL-1 $\beta$  e do fator de necrose tumoral (TNF- $\alpha$ ) foram significativamente maiores no grupo exposto (0,96+-0,09, p=0,002; 7,14+-1,02, p=0,024, respectivamente) em comparação ao grupo controle (0,57+-0,06 e 4,27+-0,63). A citocina IL-6 não apresentou diferença significativa. Esses achados são relevantes para compreender os efeitos nocivos da exposição ocupacional à agrotóxicos, visto que em condições patológicas de desequilíbrio do sistema redox, ocorre a modificação da estrutura e consequente função das macromoléculas biológicas, que associado a alterações inflamatórias é determinante para o início e progressão de doenças crônicas, como diabetes, transtornos neurodegenerativos e câncer.

**Palavras-chave:** Agrotóxicos, agricultores, inflamação, estresse oxidativo.



## AValiação DO RESISTOMA DE PACIENTES EXPOSTOS AO AMBIENTE HOSPITALAR

Lucas Cafferati Beltrame<sup>1 2\*</sup>, Patrícia de Almeida Vanny<sup>3</sup>, Sérgio Beduschi Filho<sup>3</sup>, Taíse Costa Ribeiro Klein<sup>3</sup>, Carlos Rodrigo Zárate-Bladés<sup>1</sup>, Thaís Cristine Marques Sincero<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Microbiologia, Imunologia e Parasitologia, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*lucas.cafferati@posgrad.ufsc.br

<sup>2</sup>Departamento de Análises Clínicas, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil

<sup>3</sup>Setor de Controle de Infecções Hospitalares, Hospital Universitário, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil

### Resumo

O uso indiscriminado de antimicrobianos em hospitais e na criação animal tornou-se um dos principais problemas para a saúde pública. Nas últimas décadas, houve o aumento da resistência aos antimicrobianos devido a fatores que a potencializaram, tal como a disseminação de genes de resistência. Assim, o trabalho objetiva compreender a circulação dos MRA e dos genes de resistência aos antimicrobianos através do estudo do resistoma da microbiota de pacientes por metagenômica. No Hospital Universitário, foram recrutados pacientes residentes em municípios da mesorregião do oeste catarinense (Código CEPESH: 10282619.5.0000.0121). Foram realizadas coletas de fezes e *swabs* retais (em caso de impossibilidade da coleta de fezes) dos pacientes para posterior sequenciamento. As coletas foram realizadas no momento da internação e da alta hospitalar do paciente, e submetidas à extração de DNA e sequenciamento através da tecnologia MinION. Os dados foram inseridos no software ARMA para obtenção e construção do resistoma de cada amostra. Foram utilizados os dados clínicos de cada paciente para enriquecimento da análise, buscando observar relações com os dados do resistoma. Foram recrutados 14 pacientes, dentre os quais somente sete enquadraram-se nos critérios do estudo. Em três pacientes, foi possível observar a aquisição de genes de resistência, sendo possivelmente relacionada à exposição ao ambiente hospitalar e desenvolvimento e/ou seleção de resistência aos antimicrobianos utilizados. Evidencia-se, dentre esses casos, a identificação de genes de resistência às sulfas e diaminopirimidinas (*sul2*, *dfrA1* e *dfrA17*) em um paciente, fato possivelmente relacionado ao uso terapêutico de sulfametoxazol e trimetoprima durante 21 dias. Quatro pacientes apresentaram uma diminuição no número total de genes de resistência identificados, o que pode ser justificado pelo uso de antimicrobianos durante a internação e consequente depleção de grande parte da microbiota intestinal. Destaca-se que, em um dos pacientes, houve uma redução considerável do número de genes de resistência clinicamente relevantes e de *reads* analisadas (86,6% e 94,4%, respectivamente), provavelmente relacionada à administração prolongada de diferentes antimicrobianos. A exposição ao ambiente hospitalar e a administração de fármacos antimicrobianos levam a consequências distintas relacionadas à manutenção do resistoma. A aquisição ou a perda de resistência estão relacionadas a diferentes rotas de circulação de genes de resistência em bactérias. O uso prolongado também se mostra um fator potencial para a seleção de resistência. A elucidação dos mecanismos de circulação e desenvolvimento de resistência aos antimicrobianos é importante para o desenvolvimento de novas estratégias eficientes no combate ao aumento da resistência bacteriana.

**Palavras-chave:** MinION, MDR, granjas, antibioticoterapia.

**Financiamento:** A pesquisa foi fomentada pela Fundação Bill & Melinda Gates, CNPq, CAPES e FAPESC.



## IMPACTOS DO CORONAVÍRUS SARS-COV-2 NA FERTILIDADE HUMANA

Yasmin Beatrisse Klein Patel<sup>1\*</sup>, Fernanda Souza Peruzzato<sup>1</sup>, Yara Maria Rauh Müller<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Laboratório de Reprodução e Desenvolvimento Animal, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*yasmin.bkp@gmail.com

### Resumo

O SARS-CoV-2 já infectou mais de 50 milhões de pessoas e provocou mais de 1 milhão de mortes no mundo. Os principais sintomas da COVID-19 afetam principalmente o sistema respiratório, entretanto, outros sistemas podem ser acometidos, como cardiovascular, nervoso, renal e reprodutivo. Assim, é relevante acompanhar os possíveis impactos do vírus na saúde reprodutiva e gestação, bem como em casais em tratamento de infertilidade em clínicas de reprodução. Realizar um levantamento de dados dos artigos publicados recentemente que abordassem os impactos do SARS-CoV-2 na fertilidade humana. Foram selecionadas publicações do ano de 2020, utilizando os termos “COVID-19” e “infertility” na plataforma PubMed, sem filtros adicionais, devido à escassez de publicações. Os critérios para a inclusão das publicações foram as que abordassem os temas relacionados a COVID-19 e infertilidade. Foram encontrados 78 artigos sobre a temática, publicados entre abril e outubro. Cerca de 26 publicações abordavam impactos na fertilidade masculina, onde mostraram que o vírus pode estar presente no sêmen e a febre viral pode afetar a espermatogênese. Os principais impactos são ocasionados por mecanismos que facilitam a entrada do vírus, ECA2 (enzima conversora de angiotensina 2) e receptor basigin (BSG), que estão altamente expressos nas células de Leydig, Sertoli e espermatozoides. O vírus pode causar alterações nos níveis de testosterona, no hormônio luteinizante e fragmentação de DNA dos espermatozoides. Com relação aos impactos na fertilidade feminina, foram encontradas 10 publicações, onde relataram a expressão da ECA2 no tecido mamário e endometrial, entretanto de forma menos expressiva que nas células masculinas. Já BSG é expresso no útero e a interrupção ou inibição deste, pode prejudicar o processo de implantação embrionária. Na gravidez, foi observado que o vírus pode causar morte materna, parto prematuro e transmissão vertical, enquanto outras afirmam que mãe e bebê não apresentaram complicações pela infecção. Em 21 publicações sobre reprodução assistida, foram apresentadas diferentes situações, como os impactos psicológicos da pandemia em casais com adiamento dos procedimentos e recomendações aos profissionais de saúde para minimizar os riscos e agir de forma segura. Dez publicações abordaram mais de um dos temas referidos e 11 publicações foram excluídas. Em relação ao SARS-CoV-2, há evidências que este pode influenciar negativamente na fertilidade e gravidez, sendo importante manter os cuidados preventivos da COVID-19 dos profissionais em clínicas de reprodução e em hospitais e maternidades, bem como, dos casais que pretendem engravidar de forma natural ou não.

**Palavras-chave:** COVID-19, fertilização *in vitro*, reprodução assistida, saúde reprodutiva.



## ENVOLVIMENTO DE UBC9/BECLINA-1 EM UM MODELO ANIMAL DA DOENÇA DE HUNTINGTON

Ericks Sousa Soares<sup>1\*</sup>, Anderson Camargo<sup>2</sup>, Ana Lúcia Severo Rodrigues<sup>2,3</sup>, Patrícia de Souza Brocardo<sup>2</sup>, Helena Iturvides Cimarosti<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Programa de Pós-Graduação em Farmacologia, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*ericks.sousa@posgrad.ufsc.br

<sup>2</sup>Programa de Pós-Graduação em Neurociências, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil

<sup>3</sup>Programa de Pós-Graduação em Bioquímica, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil

### Resumo

A doença de Huntington (DH) é uma doença neurodegenerativa hereditária causada pela mutação autossômica dominante no gene da Huntingtina (HTT). Tal mutação leva à expressão de uma proteína HTT mais suscetível à agregação, acúmulo e neurotoxicidade. O risco de herdar a doença é igual tanto para homens quanto para mulheres e sintomas motores, cognitivos e psiquiátricos são comuns nos pacientes. Apesar de não ter cura, estudos recentes relatam que a conjugação de SUMO (*small ubiquitin-like protein*) a proteínas-alvo, também conhecida como SUMOilação, participaria da resposta endógena ao estresse oxidativo, presente na DH. Além disso, a SUMOilação poderia influenciar a solubilidade de proteínas importantes na DH, bem como outros processos patológicos. De especial interesse, pode-se citar proteínas envolvidas na autofagia, um processo indispensável para a sobrevivência celular, como beclina-1, complexo 1 da proteína alvo mecanístico da rapamicina (mTORC1) e sequestossomo-1 (SQSMT1). Dessa forma, este estudo teve por objetivo investigar os níveis de SUMOilação e proteínas envolvidas na autofagia em um modelo *in vivo* da DH. Para isto, foram utilizados camundongos transgênicos YAC128 para a DH machos, com 3 e 6 meses de idade, mantidos em condições padronizadas (CEUA/UFSC: 4502210318). Após deslocamento cervical, o cérebro foi dissecado para coleta dos hipocampus que foram rapidamente congelados e subsequentemente homogeneizados. Os imunocontêudos de beclina-1, mTORC1, e SQSMT1 foram analisados por *Western blotting*, enquanto que SUMO-1, SUMO-2/3 e Ubc9, principais isoformas e enzima conjugante de SUMO, respectivamente, por *dot blotting*. Os resultados, expressos como média  $\pm$  erro padrão da média, foram analisados por ANOVA de duas vias, seguida do pós-teste de Newman-Keuls ( $P < 0,05$ ). A análise estatística indicou um efeito principal do genótipo em beclina-1, com diminuição dos níveis no hipocampo de animais YAC128 com 6 meses ( $P = 0,03$ ;  $n = 6$ ). Não foram observadas alterações em mTORC1 e SQSMT1. Os níveis dos conjugados de SUMO-1 e SUMO-2/3 permaneceram inalterados, porém, uma redução significativa no imunocontêudo de Ubc9 foi observada no hipocampo dos animais YAC128 mais velhos ( $P = 0,004$ ;  $n = 6-9$ ). Estes resultados sugerem que a diminuição hipocampal de beclina-1 e Ubc9 esteja relacionada com o avanço da DH em camundongos YAC128. Uma análise mais abrangente utilizando outras estruturas encefálicas, como córtex pré-frontal e estriado, fornecerão dados ainda mais concretos sobre o envolvimento das proteínas SUMO e beclina-1 na DH.

**Palavras-chave:** Autofagia, beclina-1, doença de Huntington, SUMO.

**Agradecimento:** À CAPES e CNPq pelo apoio financeiro.



## AVALIAÇÃO DO DESENVOLVIMENTO EMBRIONÁRIO EM FERTILIZAÇÃO *IN VITRO* DE PACIENTES COM DIFERENTES PERFIS

Fernanda Souza Peruzzato<sup>1 2\*</sup>, Madson Silveira de Melo<sup>1</sup>, Yara Maria Rauh Muller<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Reprodução e Desenvolvimento Animal, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*fernanda.peruzzato@posgrad.ufsc.br

<sup>2</sup>Clínica Fecondare, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil.

### Resumo

O desenvolvimento embrionário inicial depende de uma série de fatores, sejam eles intrínsecos às células, ou do microambiente em que estas se inserem. Neste contexto, as condições biológicas relacionadas ao perfil feminino, como a idade e o índice de massa corpórea, impactam diretamente no potencial reprodutivo das mulheres e, conseqüentemente, na qualidade dos oócitos produzidos e embriões formados. Comparar parâmetros laboratoriais do desenvolvimento embrionário em ciclos de fertilização *in vitro* de pacientes com diferentes perfis. Prontuários laboratoriais de 22 pacientes da Clínica Fecondare (CEPSH – Parecer número 3.344.851) foram analisados e dados foram tabelados, como: número de oócitos coletados; número de oócitos maduros, taxa de fertilização, taxa de clivagem embrionária e taxa de blastocistos. As médias dos parâmetros de avaliação laboratorial foram calculadas separando as pacientes em dois grupos: Grupo A (n = 12): pacientes com idade maior que 35 anos e/ou IMC maior que 25 kg/m<sup>2</sup>, e Grupo B (n = 10): pacientes com idade menor que 35 anos e IMC menor que 25 kg/m<sup>2</sup>. Dentre as taxas laboratoriais dos ciclos de fertilização *in vitro* que foram avaliadas de acordo com o perfil das mulheres incluídas no presente estudo, a taxa média de oócitos maduros coletados mostrou diferença (t=2,723 df=17; p=0,0145), onde foi menor em ciclos de pacientes com idade maior que 35 anos e/ou IMC maior que 25 kg/m<sup>2</sup> (68,1) quando relacionada a pacientes com idade menor ou igual a 35 anos e IMC menor ou igual a 25 kg/m<sup>2</sup> (87,5). Dados clínicos como taxa de fertilização, taxa de clivagem embrionária, e taxa de blastocistos não mostram diferença quando comparados entre esses dois grupos. O presente trabalho sugere que a idade avançada e/ou o índice de massa corpórea elevado de mulheres submetidas à fertilização *in vitro* impacta negativamente no número de oócitos maduros coletados, o que corrobora com a literatura. Esses perfis refletem em alterações hormonais e celulares do corpo, sendo necessário realizar mais estudos para um melhor entendimento entre essa relação e para o desenvolvimento de estratégias que visem o aprimoramento dos tratamentos de infertilidade.

**Palavras-chave:** desenvolvimento embrionário, perfil feminino, oócitos maduros, infertilidade.



## ECTOENZIMAS PURINÉRGICAS EM LINFÓCITOS E PLAQUETAS DE PACIENTES COM CÂNCER DE CABEÇA E PESCOÇO

Filomena Marafon<sup>1\*</sup>, Beatriz da Silva Rosa Bonadiman<sup>1</sup>, Sabine de Rocco Donassolo<sup>2</sup>, Luciara Giacobe<sup>3</sup>, Ariane Zamoner<sup>1</sup>, Margarete Dulce Bagatni<sup>1 2</sup>

<sup>1</sup>Centro de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*marafon.filo@gmail.com

<sup>2</sup>Coordenação Acadêmica, Universidade Federal da Fronteira Sul, Chapecó, Santa Catarina, Brasil

<sup>3</sup>Oncologia, Hospital Regional do Oeste, Chapecó, Santa Catarina, Brasil

### Resumo

O câncer de cabeça e pescoço (CCP) compreende um espectro de neoplasias que acometem o trato aerodigestivo superior, constituindo o sexto câncer de maior incidência mundial. Pacientes com CCP enfrentam um diagnóstico potencialmente fatal, associado a tratamentos complexos e debilitantes, severo comprometimento funcional e inúmeros efeitos colaterais, além de um comprometimento metabólico associado a desregulação de vias sinalizadoras, como a via purinérgica. O sistema purinérgico consiste em uma rede sinalizadora associada a inúmeros processos fisiológicos e patológicos, sendo sua desregulação associada a progressão tumoral. Desta forma, esse estudo teve como objetivo avaliar a atividade das ectoenzimas em amostras de linfócitos e plaquetas de pacientes com CCP. Participaram do estudo 34 pacientes com CCP recrutados na ala oncológica de uma unidade hospitalar de referência, e 33 indivíduos controles saudáveis, sendo realizada a avaliação dos indivíduos participantes por análises laboratoriais pela mensuração da atividade enzimática purinérgica. O presente projeto foi aprovado pelo comitê de ética da instituição conforme número CAAE 03057018.6.0000.5564 e número de aprovação 3.039.713. Os resultados indicaram um aumento da hidrólise do nucleotídeo ATP em ADP; aumento da hidrólise do nucleotídeo AMP no nucleosídeo adenosina ( $p < 0,05$ ); e uma diminuição da desaminação da adenosina em seu metabólito inativo, a inosina ( $p < 0,05$ ) nas amostras de linfócitos de pacientes com CCP em relação ao controle; também observou-se uma diminuição da hidrólise de ATP em ADP dos pacientes com CCP nas amostras de plaquetas ( $p < 0,05$ ). Estes resultados são indicadores de desregulação na via de sinalização purinérgica em CCP e acúmulo extracelular de nucleotídeos, os quais atuam no aumento da imunossupressão, manutenção do microambiente tumoral, promoção de crescimento do tumor, invasão, metástase e evasão imunológica, desta forma, compreendendo importantes indicadores de diagnóstico e prognóstico para os pacientes com CCP, e futuros alvos farmacológicos e de manejo para melhora da qualidade de vida nestes tumores.

**Palavras-chave:** Neoplasias de cabeça e pescoço, nucleotídeos, imunossupressão.





## FUNGOS EXTREMÓFILOS DA ANTÁRTICA, POTENCIAL NA PRODUÇÃO DE PIGMENTOS E SUAS APLICAÇÕES

Sabrina Barros Cavalcante<sup>1\*</sup>, Carla dos Santos Biscaino<sup>1</sup>, Rubens Tadeu Delgado Duarte<sup>1</sup>, Diogo Robl<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Microbiologia, Imunologia e Parasitologia, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*sabrinacavalcanteb@gmail.com

### Resumo

O continente Antártico é conhecido por ser um ambiente extremo devido às suas temperaturas negativas, constatado por sua área (13,8 milhões de km<sup>2</sup>) ser coberta permanentemente por neve e gelo, substratos estes que, apesar de pouco provável, constituem um habitat natural para diferentes grupos microbianos. Dentre os microrganismos antárticos, os fungos representam um rico reservatório químico para a descoberta de novas substâncias, como os pigmentos. Entre as atividades biológicas mais frequentemente relatadas desses fungos pigmentados, destacam-se a fotoproteção, a atividade antioxidante, produção de corantes naturais e a resistência ao estresse. Portanto, considerando a importância biotecnológica desses extremófilos, o objetivo da revisão bibliográfica destaca a relevância dos pigmentos microbianos. Para isso, utilizamos um total de 116 artigos científicos, utilizando os bancos de dados: PubMed, Scielo e Scopus, para fornecer um panorama atual dos temas: Pigmentos fúngicos, biologia dos pigmentos fúngicos em ambientes extremos, produção dos pigmentos fúngicos extremófilos, aplicações e perspectivas futuras. Diante disso, os pigmentos naturais ecológicos de fungos são a melhor alternativa aos pigmentos sintéticos devido ao seu rápido crescimento, simples processamento e são facilmente degradáveis, sem causar efeitos prejudiciais ao meio ambiente. Além disso, esses pigmentos naturais não só melhoram a comercialização do produto, mas também adicionam recursos extras, como propriedades antioxidantes, antimicrobiana, anticâncer e anti-inflamatória. Com o advento da potencial toxicidade de pigmentos sintéticos no processamento de alimentos, cosméticos, produtos farmacêuticos, indústrias têxteis e ao meio ambiente, houve um aumento da consciência pública, eco-segurança e preocupações com a saúde, desafiando os pesquisadores a realizar pesquisas qualitativas e quantitativas sobre pigmentos derivados de fontes naturais, como os fungos, com impactos ecológicos negativos mínimos. Por isso, há uma grande necessidade de explorar a vasta diversidade de fungos presentes em ambientes extremos, como a Antártica, em busca de pigmentos raros, novos e seguros, usando ferramentas e técnicas apropriadas, fornecendo assim, uma extensa área de exploração para identificar pigmentos fúngicos naturais e ecológicos e desenvolver suas diversas aplicações para satisfazer o interesse público e a demanda do mercado.

**Palavras-chave:** Antártica, Biotecnologia, Fungos extremófilos, Pigmentos.



## IL-10 -1082 A/G (RS1800896) E LÚPUS ERITEMATOSO SISTÊMICO: REVISÃO SISTEMÁTICA E METANÁLISE

Luan Viana Santin<sup>1 2\*</sup>, Amanda Carvalho Barros<sup>1 2</sup>, Mari Dalva Staffen<sup>1 2</sup>, Juliana Dal-Ri Lindenau<sup>1 2</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Biologia Celular, Embriologia e Genética, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*luanvsantin@gmail.com

<sup>2</sup>Laboratório de Polimorfismos Genéticos, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil

### Resumo

Leia O Lúpus Eritematoso Sistêmico (LES) é uma doença inflamatória crônica, multissistêmica e autoimune, caracterizada pela produção de autoanticorpos, com manifestações clínicas variadas tendo maior incidência em mulheres jovens na fase reprodutiva. De etiologia não totalmente esclarecida, o LES pode afetar indivíduos de diferentes etnias, gênero e idades, tendo o desenvolvimento e a propagação da doença relacionados a fatores ambientais, hormonais e genéticos. Além disso, já foi observado que a produção de citocinas pelas células imunes é altamente desequilibrada nestes pacientes, o que pode estar associado a uma resposta imune exacerbada e ao aumento na gravidade da doença. Diversos trabalhos têm demonstrado resultados contrastantes em relação ao papel da interleucina 10 (IL-10) na suscetibilidade a LES. O objetivo deste trabalho foi realizar uma revisão sistemática e metanálise dos estudos elegíveis para verificar a existência de associação entre o polimorfismo funcional -1082A/G (rs1800896) presente na região promotora do *gene IL-10* e o risco de desenvolver LES. A revisão sistemática foi realizada por pares nas bases de dados PubMed, Scielo e Web of Science, até 20/02/2020, resultando em 441 artigos. Após aplicação dos critérios de inclusão e de exclusão estabelecidos, restaram 20 estudos para serem incluídos na metanálise. Foram também adicionados dados obtidos pelo autor sobre o papel deste polimorfismo em uma amostra de LES e uma amostra controle provenientes de Santa Catarina (SC). A amostra combinada foi composta de 13.794 indivíduos (5812 casos e 7982 controles). Valores de razão de chances (OR) combinados e o intervalo de confiança de 95% (CI) foram utilizados para estabelecer a associação através do modelo de efeito randômico no modelo genético alélico. Foi observada uma associação significativa do alelo A desta variante com LES na população de SC [OR 1,97; CI 1,29 – 3,01]. O efeito deste alelo A sobre a suscetibilidade a LES na amostra combinada foi não significativa [OR 0,92; CI 0,80 – 1,05; p=0,19]. Também não foi observada significância estatística quando consideramos o efeito do alelo G sobre LES na amostra combinada [OR 1,07; CI 0,95 – 1,20; p=0,25]. Posteriormente também serão analisados os efeitos das combinações genotípicas nesta variante sobre a suscetibilidade e gravidade clínica da patologia, além de análises de estruturação populacional considerando diferentes etnias e gêneros. Estes resultados auxiliarão no esclarecimento do real papel desta variante na suscetibilidade a esta patologia de herança complexa em diferentes cenários e poderão no futuro contribuir no estabelecimento de biomarcadores para LES.

**Palavras-chave:** Doenças autoimunes, Polimorfismo, Associação genética, Citocinas.



## QUATRO NOVAS ESPÉCIES DE ASEMEIA (POLYGALACEAE) NO ESTADO DE GOIÁS, BRASIL

Michelle Christine de A. Mota<sup>1\*</sup>; José Floriano B. Pastore<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Programa de Pós-Graduação em Biologia de Fungos, Algas e Plantas, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*mcamota@outlook.com.

<sup>2</sup>Universidade Federal de Santa Catarina, Campus Curitibanos, Santa Catarina, Brasil

### Resumo

*Asemeia* Raf. emend Small (Polygalaceae) atualmente compreende 28 espécies que ocorrem dos Estados Unidos à Argentina, principalmente em áreas de savana no Brasil central. Esses táxons foram tratados por muito tempo como *Polygala* L. seção *Hebeclada* Chodat (ou subgênero *Hebeclada* (Chodat) S.F.Blake) até ser restabelecido o gênero *Asemeia*. Este gênero foi reconhecido, enquanto vários outros gêneros foram segregados de *Polygala* na última década (*Acanthocladus* *Acanthocladus* Klotzsch ex Hassk., *Caamembeca* J.F.B.Pastore e *Gymnospora* (Chodat) J.F.B.Pastore). *Polygala* s.l. (ou seja, antes de 2009) era amplamente polifilético. As espécies de *Asemeia* são ervas, subarbustos ou raramente lianas e são caracterizadas por duas sépalas externas inferiores conadas e uma quilha sem crista. Dois subgêneros são reconhecidos em *Asemeia*, subgen. *Asemeia* e subgen. *Apoptala* (S.F.Blake) J.F.B.Pastore & J.R.Abbott. As últimas espécies descritas para o gênero foram *Polygala marquesiana* J.F.B.Pastore & T.B.Cavalc., (= *A. marquesiana* (J.F.B. Pastore e T.B. Cavalc.) J.F.B.Pastore e J.R.Abbott) e *Polygala pauciramosa* J.F.B.Pastore e T.B.Cavalc. (= *Asemeia lindmaniana* (Chodat) J.F.B.Pastore e J.R.Abbott.). O presente trabalho tem como objetivo descrever quatro novas espécies de *Asemeia* (Polygalaceae) para o estado de Goiás, Brasil: *Asemeia aguiariana*, *A. campestris*, *A. eglandulosa*, e *A. subaphylla*. Nas últimas duas décadas várias expedições de coleta foram realizadas no nordeste goiano (Chapada dos Veadeiros) por JFBP et al., e mais recentemente em colaboração com MM. Todas as espécies aqui descritas foram vistas em campo, coletadas e tombadas nos herbários CEN, CTBS e HUEFS. Construímos um banco de dados contendo todos os espécimes estudados e suas respectivas coordenadas geográficas, as quais foram retiradas das etiquetas originais dos espécimes do herbário ou, quando não disponíveis, estimadas. Dentre as espécies descritas, *Asemeia aguiariana* e *A. campestris* foram consideradas “Criticamente em perigo”. Enquanto *A. eglandulosa*, e *A. subaphylla*, as únicas dentre as espécies aqui descritas com indivíduos encontrados também no Parque Nacional Chapada dos Veadeiros, entraram na categoria “Em perigo”. São fornecidas descrições detalhadas, pranchas fotográficas para ilustrar as novas espécies, além de pranchas comparativas da morfologia floral de espécies morfologicamente próximas. Também são apresentados mapas de distribuição, o status de conservação de cada espécie, e uma chave de identificação para espécies relacionadas. (CAPES).

**Palavras-chave:** Cerrado, endemic, taxonomy, savanna.



## EFEITOS DA RADIAÇÃO UVB NO CONTROLE DE QUALIDADE MITOCONDRIAL EM EMBRIÕES DE *MACROBRACHIUM OLFERSII*

Thalia Bordignon Reis<sup>1\*</sup>, Giuliam Kátia Strücker<sup>1</sup>, Evelise Maria Nazari<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Reprodução e Desenvolvimento Animal, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*thaliareisq@gmail.com

### Resumo

O acúmulo de poluentes na atmosfera tem contribuído para a depleção da camada de ozônio, o que resulta no aumento da incidência de radiação ultravioleta B (R-UVB) na superfície terrestre. Esta radiação chega aos ambientes aquáticos e afeta os organismos que ali vivem. *Macrobrachium olfersii* é um camarão de água doce que atua na ciclagem de energia dos ambientes aquáticos e se reproduz em águas rasas e claras, onde a R-UVB penetra com facilidade. Pesquisas anteriores com embriões de *M. olfersii*, demonstraram efeitos nocivos da R-UVB e apontaram as mitocôndrias como organela alvo nas células embrionárias. Assim, o objetivo desse estudo foi investigar os efeitos da R-UVB no conteúdo das proteínas Drp1 (envolvida na fissão mitocondrial) e TOM20 (presente na membrana mitocondrial externa) nas células embrionárias de *M. olfersii*. Para isso, fêmeas e machos foram coletados na Lagoa do Peri (Ilha de Santa Catarina) e mantidos em aquários para obtenção de embriões (aprovação permanente do IBAMA nº 15294-1/2008). As fêmeas ovígeras com embriões no dia embrionário E7 foram expostas à R-UVB por 30 minutos, com irradiância de 310 mW/cm<sup>2</sup>. Doze horas após a exposição, os embriões foram analisados. Os dados preliminares para citometria de fluxo demonstraram nos embriões irradiados aumento no número de células Drp1-positivas e diminuição de células TOM20-positivas. A fissão mitocondrial é essencial para a distribuição de mitocôndrias nas células e para a manutenção da qualidade mitocondrial, pois isola porções danificadas das mitocôndrias. Considerando os danos mitocondriais causados pela R-UVB, as alterações nos conteúdos de Drp1 e TOM20 podem indicar a remoção de fragmentos mitocondriais danificados e formação de novas mitocôndrias. Esses resultados indicam que a R-UVB interfere em eventos celulares relacionados ao controle de qualidade mitocondrial nas células embrionárias de *M. olfersii*. E ainda, a necessidade da ativação do mecanismo de mitofagia. Esses dados são preliminares e mais estudos serão necessários para investigar essas e outras proteínas relacionadas aos processos mitocondriais.

**Palavras-chave:** Crustácea, ultravioleta, célula embrionária, danos celulares.

**Agradecimentos:** CAPES, FAPESC, CNPq, PIBIC e LAMEB/UFSC.



## CAN A BACTERIA REDUCE HYPERACTIVITY AND ANXIETY?

Ariela Maína Boeder<sup>1\*</sup>, Fernando Spiller<sup>1</sup>, Geison Souza Izídio<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Farmacologia, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil -  
\*arielaboeder@gmail.com

### Abstract

The gut microbiome has been showing an important role in modulating brain functions and behavior. Despite this, there are no studies in the literature that evidence the effects of the microbiota on two genetically identical strains (except for one region of the chromosome 4) named SHR (Spontaneously Hypertensive Rat) and SLA16 (SHR.Lewis-Anxrr16). Then, this work aimed to investigate the microbiota and *Enterococcus faecalis* participation in behavior of the SHR and SLA16 strains. 4-month-old female rats SHR and SLA16 were used in two experiments: (i) antibiotic treatment (ATT); and (ii) *E. faecalis* treatment (EFT). At the end of the treatments, the animals were submitted to the evaluation of the open-field (OF), elevated plus-maze (EPM) and activity-cage (AC). The data was evaluated through two-way ANOVA and Duncan's post hoc test. The experiments were approved by the Ethics Committee on the Use of Animals of the UFSC under the number PP00903. The results found in this study presented (i) ATT decreased the locomotion in the OF and AC, in both strains, and increase the number of entries in open arms of EPM, an anxiolytic effect. After ATT, the total microbiota was reduced and it was identified the presence of *E. faecalis* in both strains. Then, (ii) the EFT treatment increased the number of entries in the center of the OF, only in SHR, without results in AC and EPM, which can indicate a strain-specific anxiolytic effect. In conclusion, in this study we showed an important role of the microbiota in the locomotor and emotional behavior of SHR and SLA16 strains, and, more specifically we suggested this effects are related to *E. faecalis*. Now, our next question is: how does this happen?

**Keywords:** *Enterococcus faecalis*, SHR, SLA16, behavior.



## EFEITO BIOESTIMULANTE DE HIDROLISADO PROTEICO DE MICROALGAS EM GERMINAÇÃO DE SEMENTES DE TOMATES

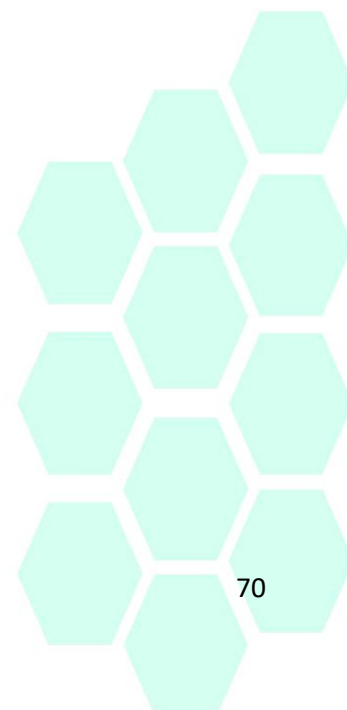
Gabriel Teodoro Martins<sup>1\*</sup>, Deise Munaro<sup>1</sup>, Marcelo Maraschin<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Morfogênese e Bioquímica Vegetal, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*teodorom@gmail.com

### Resumo

Bioestimulantes são produtos oriundos de extratos vegetais ou de microorganismos, capazes de promover efeitos positivos em plantas. São uma alternativa moderna ao uso de agroquímicos, promovendo sustentabilidade e eficiência nos cultivos. Algas e microalgas são organismos fotossintetizantes aquáticos, que apresentam uma diversidade de compostos químicos com grande potencial biotecnológico. Nos últimos anos, diversas pesquisas buscam explorar o uso destes organismos na agricultura. Hidrolisados proteicos são fontes de aminoácidos e peptídeos, além de outros compostos característicos de sua matéria-prima. Muitos aminoácidos são conhecidos por atuarem analogamente aos fitormônios ou de promoverem sua síntese. O processo germinativo de sementes envolve uma complexa série de demandas fisiológicas e bioquímicas durante o desenvolvimento a plântula. Com isso, a germinação de sementes apresenta-se como um bom modelo de estudo na avaliação de bioestimulantes de plantas. O presente trabalho visa compreender os efeitos do hidrolisado proteico de microalgas (*Arthrospira platensis*) sobre a germinação e desenvolvimento de sementes de tomate. Ensaio germinativos serão conduzidos de acordo com metodologias do Ministério de Agricultura Pecuária e Abastecimento (MAPA). Sementes serão embebidas por 15 min em diferentes concentrações do hidrolisado de microalga (0,1%; 0,25%; 0,5%; 0,75% e 1%), avaliadas ao longo de sete dias. Serão determinados: índice de velocidade de germinação (IVG), porcentagem de germinação, massa fresca, massa seca e quantificação de clorofilas totais, *a* e *b* na parte aérea das plântulas. O estudo espera a definição de concentrações de aplicação do hidrolisado proteico de microalgas capazes de induzir efeito bioestimulante sobre o crescimento e sobre o metabolismo de clorofilas das plântulas.

**Palavras-chave:** Bioestimulantes de plantas, hidrolisados proteicos, germinação, microalgas.





## CHICK EMBRYO AS A MODEL FOR EMBRYOTOXICITY STUDIES

Méllanie Amanda Silva Ferreira<sup>1 2\*</sup>, Maico Roberto Luckmann Rodrigues da Silva<sup>1 2</sup>, Nathália Ronconi Zili Krüger<sup>1 2</sup>, Evelise Maria Nazari<sup>1 2</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Reprodução e Desenvolvimento Animal, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*mel.asferreira@gmail.com

<sup>2</sup>Departamento de Biologia Celular, Embriologia e Genética, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil

### Abstract

From Aristotle and the Egyptians, chick embryos have been studied for more than 2 thousand years, remaining as animal model for studies until today. Moreover, the chick embryo had a significant collaboration in some of the most important explanations of vertebrate development. The *in ovo* embryonic development of chicks was described by Hamburger and Hamilton in 1951, into 46 stages within the period of 21 days, a staging system that is still applied up to the present days. The purpose of this work was to highlight this vertebrate model suitability and its application in developmental toxicity. The development time and the fact that it occurs outside the female body are great advantages in this model. These features allow the experiments to be daily monitored, and embryos develop without influences of maternal metabolism. For systematic monitoring during the experiments, the eggs are kept in an incubator at 37.5°C and 65% humidity, and the access to manipulate the embryo is possible through an open window in the eggshell, which is closed with transparent tape. Furthermore, similarities between chick embryos and human embryos, mainly in the genome and in the initial development processes, associated with the available molecular database, provide robustness in toxicological approaches. Among the limitations of this model are the potential contamination by microorganisms and the difficulty in assessing the cleavage phase, which occurs before the egg posture. Chick embryos have also been described as a model for embryotoxicity assays, in studies that focus on exposure to heavy metals, drugs and several other compounds, in an attempt to understand the myriad of adverse effects in toxicological researches, conducted in the early life stage of animals. Regarding the administration routes, it is essential to know the properties of substances to choose the appropriate delivery form. For example, water-soluble substances can be applied at the air space of the eggshell; vascular agents are convenient for application in the chorioallantoic membrane due to its blood vessels; lipid-soluble molecules adapt better to the yolk sac membrane; in addition, the substances can be applied directly to the chick embryo. Thereby, many studies have elucidated the mechanisms of cellular and molecular response of several substances, during the development of different systems, such as nervous, cardiovascular, digestive and limbs. Finally, the chick embryo is an adequate model for several research areas, in addition to the toxicology highlighted here, such as neuroscience, biochemistry, pharmacology and for several human diseases.

**Keywords:** Avian model, *Gallus domesticus*, developmental toxicity, toxicology.



## DESENVOLVIMENTO DE PLASMÍDEO *DUAL REPORTER* PARA DETERMINAÇÃO DE TROPISMO TISSULAR DE *TRYPANOSOMA RANGELI* EM MAMÍFEROS

Adriana Corrêa da Silva<sup>1\*</sup>, Carime Lessa Mansur Pontes<sup>1</sup>, Francisco Olmo<sup>2</sup>, Amanda Fortes Francisco<sup>2</sup>, John Morrison Kelly<sup>2</sup>, Edmundo Carlos Grisard<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Microbiologia, Imunologia e Parasitologia, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*biomedicaacsilva@gmail.com

<sup>2</sup>London School of Hygiene and Tropical Medicine, Londres, Reino Unido

### Resumo

O *Trypanosoma rangeli* é um protozoário transmitido a mamíferos durante o repasto sanguíneo de triatomíneos. O inseto ingere os parasitas, que atravessam o epitélio intestinal e migram para as glândulas salivares. E, assim são inoculados no hospedeiro mamífero, para os quais *T. rangeli* não é patogênico e o curso da infecção é desconhecido. Plasmídeos para expressão de proteínas repórteres são importantes ferramentas para elucidação de diversos aspectos da biologia de tripanosomatídeos. Assim, este trabalho teve como objetivo desenvolver um vetor integrativo *dual reporter* para *T. rangeli* e avaliar a infecção dos parasitos transfectados em mamíferos. Para tal, foram inseridas regiões intergênicas do *locus* 18S de *T. rangeli* no plasmídeo pTRIX2 Luc::Neon que contém o gene para firefly luciferase (RE9h) fusionado à proteína fluorescente mNeonGreen. Esta alteração possibilitou a integração do cassete no genoma do parasito, resultando em expressão constitutiva e estável do *dual reporter* em formas epimastigotas e tripomastigotas. Diferentes aspectos da biologia de *T. rangeli* foram observados, como a interação *in vitro* (linhagens THP-1 e A549) e *in vivo*. Foi realizada infecção intracelômica em *Rhodnius prolixus*, sendo possível identificar parasitos fluorescentes na hemolinfa e glândula salivar. Em camundongos BALB/c, foi mensurada a parasitemia a partir da atividade de luciferase em comparação os métodos usualmente empregados. Em um experimento piloto utilizando técnicas de bioimagem, foram identificados focos de *T. rangeli* na região torácica e abdominal em camundongos BALB/c e SCID. Ainda, foi possível identificar, pela primeira vez, formas amastigota-like na corrente sanguínea e medula óssea de camundongos a nível de um único parasito nos tecidos analisados. Logo, *T. rangeli* possui tropismo por duas regiões anatômicas em mamíferos, com ocorrência de formas amastigota-like em sítios hematogênicos. Ainda, se faz necessária a determinação dos órgãos infectados.

**Palavras-chave:** ferramentas moleculares, bioimagem, plasmídeos integrativos, interação parasita-hospedeiro.

**Agradecimentos:** Ao Laboratório de Protozoologia, Patrícia Stoco, Mario Stendel, Martin Taylor, Fernanda Costa, Shiromani Jayawardhana, Marilene Vainstein, Daniel Mansur, LAMEB UFSC e PDSE CAPES por aconselhamento técnico-científico, concessão de reagentes, equipamentos e financiamento. (CEUA UFSC 9923170516).





## AQUACULTURA MULTITRÓFICA INTEGRADA – UMA ALTERNATIVA SUSTENTÁVEL PARA A TRANSFORMAÇÃO DE RESÍDUOS EM BIOMOLÉCULAS DE ELEVADO VALOR ECONÔMICO

Thaís Fávero Massocato<sup>1\*</sup>, Victor Robles<sup>2</sup>, José Bonomi-Barufi<sup>1</sup>, Leonardo Rubi Rorig<sup>1</sup>, Antonio Avilés<sup>2</sup>, Félix Lopez Figueroa<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Botânica, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil -  
\*thaismassocato@gmail.com

<sup>2</sup>Departamento de Ecología y Geología, Universidad Málaga, Málaga, Andalucía, Espanha

### Resumo

A aquicultura é o setor responsável pelo cultivo de organismos aquáticos e de destaque para produção global de proteínas. No entanto, essa atividade está associada a geração de efluentes ricos em compostos nitrogenados e fosfatados que, se não tratados adequadamente, podem ocasionar problemas ambientais como a eutrofização de ambientes costeiros. Nesse sentido, faz-se necessária a busca por sistemas de cultivo que visam gerar efluentes com menor aporte de nutrientes. O Cultivo Multi-Trófico Integrado (IMTA) foi desenvolvido para a produção de organismos de diferentes níveis tróficos interligados em um mesmo sistema. Os sistemas IMTA promovem a sustentabilidade ao vincular os resíduos gerados a partir do cultivo de peixes e/ou camarões com organismos filtradores de compostos orgânicos e inorgânicos, como exemplo, algas marinhas. A produção de algas em sistemas IMTA, além de tratar o efluente, permite o aproveitamento comercial da biomassa algal para obtenção de biomoléculas de elevado valor agregado. O presente trabalho tem como objetivo o estudo do cultivo da macroalga do gênero *Ulva* em sistema IMTA de circulação fechada. Experimentos estão sendo conduzidos na Universidad de Málaga (Espanhã) para investigar os parâmetros adequados para cultivo algal no sistema. Em julho de 2020 foram realizados 2 experimentos para avaliar a replicabilidade do sistema desenvolvido pelo grupo de pesquisa "Fotobiología y Biotecnología de Organismos Acuáticos". Os experimentos ocorreram em duas semanas consecutivas e foram elaborados com duas espécies de *Ulva* cultivadas simultaneamente em águas enriquecidas com compostos nitrogenados para relacionar as quantidades de biomassa algal suficientes para a eliminação de compostos nitrogenados na forma inorgânica (amônia e nitrato). Nesses experimentos preliminares não foram cultivados peixes pois o objetivo foi entender os parâmetros ideais para o cultivo algal. Foram realizadas medidas de variáveis físico-químicas: pH, temperatura, condutividade, salinidade e oxigênio dissolvido. Medidas de fluorescência *in vivo* da clorofila *a* e crescimento da biomassa foram realizadas para comparar a capacidade fotossintética e a produtividade das duas espécies. Foram feitas análises bioquímicas da biomassa algal para quantificação de proteínas, lipídios, pigmentos, compostos fenólicos e atividade antioxidante para estimar o potencial biotecnológico de aplicação da biomassa. Os resultados (ainda em análise) nos permitirão correlacionar o crescimento e o desempenho fisiológico das algas com a eliminação de compostos nitrogenados. Dados preliminares nos permitiram visualizar que houve o acúmulo de nitrogênio inorgânico (amônia) ao longo do tempo no sistema, concluindo que a quantidade de biomassa algal testada foi insuficiente para a remoção desse composto.

**Palavras-chave:** *Ulva* spp., aquicultura, Cultivo Multi-Trófico Integrado.



## NEW PERSPECTIVE OF INDUCTION MODEL WITH RESERPINE: ADVANCES IN THE STUDY OF FM

Eduarda Gomes Ferrarini<sup>1 2\*</sup>; Elaine Cristina Dalazen Golçalves<sup>1 2</sup>; Jaíne Menegasso<sup>1</sup>; Bruna Rabelo<sup>1</sup>; Francielly Felipetti<sup>1</sup>; Rafael Cypriano Dutra<sup>1 2</sup>

<sup>1</sup>Laboratory of Autoimmunity and Immunopharmacology, Universidade Federal de Santa Catarina, Araranguá, Brazil

<sup>2</sup>Post-Graduate Program of Neuroscience, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Brazil -

\*duferrarini@gmail.com

### Abstract

Fibromyalgia (FM) is characterized by chronic pain and association of symptoms such as fatigue, anxiety, depression, among others. Since its etiology is still unknown, FM does not yet have an animal model considered the gold standard for mimicking the pathophysiological characteristics of the disease in animals. In this sense, myalgia model induced by reserpine (RIM) as well as develop a painful condition also mimics some clinical features related to FM, such as like-depressive and like-anxious behavior, but some side effects have been reported such as ulcers and injuries at the site of drug administration. The objective of this study was to compare an alternative method for dilution of reserpine using Tween 80 and assess their effects on the development of nociceptive parameters in the RIM. For this, we used Swiss female mice (10 weeks old) and RIM was performed by administration of reserpine (0.25 mg/kg subcutaneous s.c. - three days), and the animals were divided into two groups: (i) RIM dilution in 0.5% glacial acetic acid and (ii) RIM dilution in 0.5% Tween 80. Animals were evaluated weekly and consisted of the analysis of body weight parameters, spontaneous pain with the grimace scale, mechanical hyperalgesia through von Frey and thermal allodynia to the cold by the acetone test, which were followed up until the regression of the pain symptoms. All experimental procedures were approved by the UFSC Committee on the Ethical Use of Animals and were carried out in accordance with Brazilian regulations on animal welfare (CEUA/UFSC protocol number 2572210218). In view of this, both groups showed an increase in body mass after the 28th day. Furthermore, after induction both groups showed facial expressions of pain that persisted until the 21st day. Moreover, mechanical hyperalgesia persisted for 70 days for both groups and the same can be seen in cold allodynia. In view of the results, the present study demonstrated that the dilution of reserpine in Tween 80 did not harm animal welfare at the same time that it developed a nociceptive condition similar to the RIM diluted in acetic acid. Thus, demonstrating that the reserpine 0.25 mg/kg diluted in 0.5% Tween 80 is an effective alternative in developing the model FM induction. Financial support CAPES – DS and CNPq.

**Keywords:** Chronic pain; Myalgia model; Experimental model; Mice



## RECONSTRUÇÃO DO MODELO METABÓLICO À ESCALA GENÔMICA PARA A MICROALGA *HAEMATOCOCCUS PLUVIALIS*

Rafaela Gordo Corrêa<sup>1\*</sup>, Marcelo Maraschin<sup>2</sup>, Oscar Dias<sup>3</sup>, Miguel Rocha<sup>3</sup>, Leonardo Rubi Rörig<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Ficologia, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil -  
\*rafaela.gordo.correa@gmail.com

<sup>2</sup>Laboratório de Morfogênese e Bioquímica Vegetal, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil

<sup>3</sup>Centro Engenharia Biológica, Universidade do Minho, Braga, Portugal

### Resumo

Nos últimos 50 anos as microalgas têm sido organismos de grande interesse biotecnológico, dada capacidade de sintetizar uma variedade de compostos, com destaque para o carotenoide astaxantina, um composto com alto potencial antioxidante e aplicações em diferentes áreas, incluindo aquacultura, alimentação, suplementos alimentares, produtos farmacêuticos e cosméticos. Dentre as espécies produtoras de astaxantina, os maiores teores são produzidos pela microalga *Haematococcus pluvialis*, espécie de água doce, principal cepa utilizada comercialmente para a produção deste carotenoide, sendo alvo de estudos de otimização do cultivo, tanto para o crescimento vegetativo da cepa, que ainda é um gargalo produtivo quanto a etapa de indução ao estresse das células vegetativas para a produção do pigmento astaxantina. As abordagens *in silico* para modelagem em escala genômica tem se tornado um recurso potencial para simular quantitativamente fluxos, a partir das reações metabólicas do microorganismo. O objetivo do trabalho foi desenvolver um modelo metabólico à escala genômica da microalga *Haematococcus pluvialis* com a finalidade de compreender as rotas metabólicas envolvidas no acúmulo de biomassa. O processo de reconstrução foi feito a partir dos scaffolds publicados em 2019, a abordagem foi baseada na anotação do genoma e utilização do modelo da microalga *Chlamydomonas reinhardtii* publicado por Iman e colaboradores, como template e banco de dados das reações bioquímicas. Inicialmente foi realizado um processo de curação permitindo identificar inconsistências quanto ao equilíbrio das cargas de prótons, equilíbrio do consumo e produção de água e a reversibilidade das reações. As reações foram compartimentalizadas em dez compartimentos: extracelular, citosol, cloroplasto, mitocôndria, núcleo, retículo endoplasmático, peroxissomos, vacúolo, membrana plasmática e aparelho de Golgi, com a maioria localizada no citosol, cloroplasto e mitocôndrias, permitindo a reconstrução de um modelo preliminar constituído por 5217 genes metabólicos, 869 reações sendo 100 reações de transporte. A partir desta reconstrução o refinamento do modelo e a validação, a partir de dados experimentais e literatura científica, possibilitarão o uso como uma ferramenta na investigação dos processos metabólicos desta microalga a partir de simulações, minimizando a realização de experimentações, indicando possíveis estratégias para a otimização da etapa do crescimento vegetativo do cultivo.

**Palavras-chave:** modelo *in silico*, clorófitas, microalga, autotrófico.



## AVALIAÇÃO MORFOMÉTRICA DOS OVÓCITOS DE *MACROBRACHIUM POTIUNA* EXPOSTOS AO ROUNDUP WG

Vanessa da Silva de Castro<sup>1 2\*</sup>, Madson Silveira de Melo<sup>1 2</sup>, Yara Maria Rauh Müller<sup>1 2</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Reprodução e Desenvolvimento Animal, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*assenav\_vany@hotmail.com

<sup>2</sup>Programa de Pós-Graduação em Biologia Celular e do Desenvolvimento, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil

### Resumo

Em crustáceos decápodes, a maturação ovariana pode ser acompanhada pelas modificações que ocorrem durante o ciclo reprodutivo, como o aumento no tamanho das células germinativas devido à incorporação de compostos orgânicos. No entanto, estudos com representantes desse subfiló demonstraram alterações no diâmetro dos ovócitos quando expostos a diferentes agrotóxicos, incluindo os herbicidas à base de glifosato (HBG). Esses herbicidas são mundialmente empregados no controle do crescimento de plantas indesejáveis em áreas agrícolas e urbanas. Além disso, por meio do escoamento superficial e da lixiviação, podem atingir os ecossistemas aquáticos e os organismos que ali habitam, como a espécie *Macrobrachium potiuna*, um camarão de água doce endêmico da fauna brasileira que desempenha importante papel na cadeia alimentar. Este estudo teve como objetivo investigar o efeito de concentrações ambientalmente relevantes de HBG sobre a morfometria dos ovócitos pré-vitelogênicos (OPV-I e II), vitelogênicos (OV) e maduros (OM) de *M. potiuna*. As fêmeas foram coletadas na Cachoeira do Poção em Florianópolis/SC e aclimatadas por 7 dias no LRDA. Em seguida, foram expostas por 14 dias às concentrações de 0,065 e 0,28 mg/L de HBG, e um grupo controle (apenas água decolorada). Os ovários foram dissecados, organizados em classes de tamanho (I, II e III) por meio do cálculo do Índice Gonadosomático (IGS). Após, os ovários foram processados para a técnica histológica de coloração com Hematoxilina e Eosina e o comprimento do maior e menor eixo dos ovócitos foram medidos no programa *ImageJ*. Na Classe I não foram observadas alterações no comprimento do maior e menor eixo de todos os ovócitos em nenhuma das concentrações testadas ( $p > 0,05$ ). Por outro lado, na Classe II, observou-se um aumento apenas no maior eixo dos OPV-I na concentração de 0,065 mg/L HBG, enquanto que ambas as concentrações aumentaram o maior e menor eixo dos OPV-II. O comprimento do menor eixo dos OV também aumentou na concentração 0,28 mg/L ( $p < 0,05$ ). Na classe III, os OPV-I tiveram o comprimento do maior eixo reduzido em ambas as concentrações, enquanto que em OPV-II e OV, ambos os eixos reduziram apenas na menor concentração. Os OM, encontrados apenas na Classe III, apresentaram redução do menor eixo na maior concentração de HBG ( $p < 0,05$ ). Tais resultados sugerem uma possível aceleração da maturação ovariana, que pode ter sido ocasionada pela ação de desregulador endócrino do glifosato, mostrando que as concentrações permitidas necessitam ser repensadas.

**Palavras-chave:** Maturação ovariana, morfometria, crustáceo, agrotóxico.



## PDE3 INHIBITION ON THE EXPERIMENTAL SEPSIS MODEL

Junior Garcia de Oliveira<sup>1\*</sup>, Regina de Sordi<sup>1</sup>, Elaine Leocádia Anton Amarantes<sup>1</sup>, Márcia Regina Paes de Oliveira<sup>2</sup>, Daniel Fernandes<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Department of Pharmacology, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil -  
\*juniorgarcia\_oliveira@hotmail.com

<sup>2</sup>Department of Structural Biology, Molecular and Genetic, Universidade Estadual de Ponta Grossa, Ponta Grossa, Paraná, Brazil

### Abstract

Sepsis is defined as a life-threatening organ dysfunction caused by a dysregulated immune response to infection that leads to cardiovascular and multiple organ dysfunction. The cyclic nucleotides signaling (cAMP and cGMP) exhibit a crucial role in regulating many critical physiological processes impaired during sepsis. Phosphodiesterases (PDEs) are enzymes that control the levels of the cyclic nucleotide through hydrolyzes and inactivation. Thus, the cyclic nucleotides can be elevated, and their physiological effects prolonged by PDE inhibition. The PDE3, which is mainly expressed in cardiovascular tissues, exhibits dual specificity in controlling cAMP and cGMP hydrolysis. The cilostazol (CLZ) is a PDE3 inhibitor approved for the chronic peripheral vascular diseases' treatment, increasing cAMP and cGMP bioavailability, improving the tissue blood flow. Investigate whether PDE3 inhibition by cilostazol can attenuate the multiorgan dysfunction's sepsis in an experimental rat model. Sepsis was induced in male Wistar rats by cecal ligation and puncture (CLP) procedure. Six h later, the CLZ (15 mg/kg, vo) or vehicle was administered. Twenty-four h after the CLP procedure, the parameters as blood pressure, heart rate, renal blood flow, vascular reactivity in the isolated aorta system were analyzed. In sequence, blood samples were collected for biochemical and hematological's analyzes. Lastly, tissues were collected for myeloperoxidase (MPO) activity, Evans blue (EB) leakage, histopathology, and Western blotting analysis. In another experimental set, the blood pressure was measured at different times over the 24 h after the CLP surgery. Finally, the percent survival after the infection beginning was analyzed until five days. The procedures were approved by the University Institutional Ethics Committee (Protocol number 1667100417). The septic animals showed hypotension, hyporesponsiveness to vasoconstrictors, renal blood flow reduction, systemic inflammation, multiorgan dysfunction, and mortality over time. The CLZ's treatment improved renal blood flow and enhanced vasoconstrictors' responsiveness both in vivo and in the isolated aorta rings. Furthermore, the CLZ reduced the lactate level and lung MPO activity. CLZ also reduced the lung histopathologic score and lung EB leakage, but the difference was not statistically significant. Neither CLP nor CLZ treatment changed PDE3A expression in the heart and thoracic aorta. The association of CLZ's treatment with antibiotics prevented mortality in the animals. CLZ, a PD3 inhibitor, improved tissue blood perfusion, increased vascular reactivity, and reduced organ injury in sepsis. Thus, CLZ administered at the proper time can represent a useful supplementary tool in sepsis management.

**Keywords:** Phosphodiesterases, Cilostazol, Systemic infection, Cardiovascular dysfunction.

**Support:** CAPES and CNPq, Brazil.



## 2,4-DICHLOROPHENOXYACETIC ACID AND THE EVIDENCE FOR ENDOCRINE DISRUPTION: A BRIEF REVIEW

Aline Guimarães Pereira<sup>1\*</sup>, Breno Raul Freitas Oliveira<sup>1</sup>, Carla Eliana Davico<sup>1</sup>, Geison Souza Izídio<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Biologia Celular, Embriologia e Genética, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*alinegp77@gmail.com

### Abstract

2,4-dichlorophenoxyacetic acid (2,4-D) is an herbicide used worldwide since the 1940s and is currently the second most commercialized pesticide in Brazil. It has been described to induce several adverse effects in non-target animals, ranging from embryotoxicity and teratogenicity to neurotoxicity. Some effects on the reproductive function of individuals exposed to 2,4-D are known but the exact mechanism of action of this herbicide remains unclear. Moreover, there is no consensus about the potential for endocrine disruption of this herbicide. Thus, the aim of this study was to summarize the main endocrine changes reported after exposure to 2,4-D. All research articles up to October 19, 2020 were searched in MEDLINE (through PubMed), using the main terms: "2,4-dichlorophenoxyacetic acid" and "endocrine disrupting chemicals (EDC)" or "endocrine-disruptor" or "hormone disrupting chemicals". Sixteen articles were found, among which six articles (review articles and articles on analytical methods to detect, adsorb and destroy 2,4-D in water) were excluded. The data collected for each article were: year of publication, animal models and/or cell culture; and results. The revised articles were published between 2005 and 2020. Among the studies, 67% were *in vitro* using different cell lines and somatic germ cells from different animal models; 22% analyzed human urine and serum and 11% were *in vivo* studies in rodents. The most important findings of the 2,4-D effects in the endocrine system were: alteration of the metabolic pathways of *in vitro* Sertoli cells; irreversibility of maturation block of *Xenopus laevis* oocytes *in vitro* by the 2,4-D-induced MAPK activation; the urinary 2,4-D levels were negatively associated with total serum testosterone levels among farmers; 2,4-D displayed toxic effects on germ cell number and cell viability in chicken embryos; 2,4-D treatment in mice decreased serum/testicular testosterone levels, and promoted several morphological abnormalities in seminiferous tubules; there was no positive association between 2,4-D concentrations in the women urine and the occurrence of endometriosis; lack of evidence of potential for interaction of 2,4-D with estrogen, androgen or steroidogenesis pathways in cell cultures; 2,4-D did not show adipogenic potential *in vitro*. The small number of studies and the lack of consensus on the potential for endocrine disruption of 2,4-D were evidenced. It is worth mentioning that among the studies evaluated, we found studies with bias, since they were financed by pesticide-producing industries. We see the need to expand research in other databases to review the key characteristics of 2,4-D as an endocrine disruptor.

**Keywords:** 2,4-D, endocrine disrupting chemicals, herbicide.



## IDENTIFICAÇÃO *IN SILICO* DE EPÍTOPOS CONSERVADOS DE SARS-COV-2

Dayane Azevedo Padilha<sup>1\*</sup>, Carolina Leite Martins<sup>1</sup>, Vilmar Filho<sup>1</sup>, Karin Santos<sup>1</sup>, Renato Simões Moreira<sup>1 2 3</sup>, Glauber Wagner<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Microbiologia, Parasitologia e Imunologia, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \* dayufsc@gmail.com

<sup>2</sup>Departamento de Pesquisa, Ensino e Extensão, Instituto Federal de Santa Catarina, Lages, Santa Catarina, Brasil

<sup>3</sup>Departamento de Produção Animal, Universidade do Estado de Santa Catarina, Lages, Santa Catarina, Brasil

### Resumo

A COVID-19 (*Coronavirus Disease 2019*) é uma doença infecto-contagiosa caracterizada, em situações mais agressivas, pela síndrome respiratória aguda grave (SARS) e é causada pelo novo coronavírus (SARS-CoV-2). Os coronavírus são vírus de RNA fita simples de sentido positivo, possuem genoma empacotado pela proteína do nucleocapsídeo (N), são envoltos pela proteína de membrana (M), são compostos pelas proteínas do envelope (E) e apresentam, em sua superfície, a proteína *Spike* (S). A proteína S desempenha papel crucial na ligação do vírus com as células hospedeiras (domínio S1) e fusão da membrana (domínio S2), sendo então, o principal alvo na busca de antígenos de vacinas. O uso de ferramentas computacionais e aprendizado de máquina pode facilitar e acelerar a descoberta de possíveis alvos terapêuticos para o desenvolvimento seguro e eficaz de uma vacina, além de possibilitar a caracterização da estrutura e das funções proteicas. Neste contexto, o objetivo deste trabalho foi identificar e avaliar *in silico* os epítopos conservados presentes na proteína S de SARS-COV-2. Para tal, um conjunto de 148.461 proteínas S de SARS-CoV-2 foram obtidas do portal GISAID e submetidas a um banco de dados relacional, realizando-se uma consulta das proteínas mais repetidas deste conjunto. Essas proteínas foram utilizadas como modelo para serem processadas pelo programa BepiPred, com ponto de corte de *score* 0,55 e tamanho entre 10 e 30 resíduos aminoacídicos. O modelo de proteína gerado é conservada em 40,66% das proteínas armazenadas no banco de dados relacional. A partir deste modelo, foram identificados 11 epítopos, com prevalência entre 91,58% e 99,00% entre as proteínas do banco de dados, que quando juntos representam uma cobertura de 99,98% de todas as proteínas presentes no banco de dados. Destes 11 epítopos identificados, cinco correspondem ao domínio N-terminal de S1 (NTD), três ao domínio de ligação com o receptor celular RBD e outros três em regiões diversas (entre SD2 e FD, S1/S2 e HR2). Por terem uma ocorrência abrangente, é proposta a produção de uma estrutura quimérica polipeptídica contendo tais epítopos, a qual pode ser sintetizada em laboratório e utilizada como possível alvo terapêutico para o desenvolvimento de uma vacina contra SARS-CoV-2.

**Palavras-chave:** Bioinformática, vacinologia reversa, alvos terapêuticos, epítopos.



## PREFERÊNCIA CONDICIONADA AO LUGAR INDUZIDA POR ALIMENTO PALATÁVEL EM CAMUNDONGOS: COMPARAÇÃO ENTRE SEXOS

Lucas Antônio dos Santos Barbosa<sup>1\*</sup>, Cristiane Ribeiro de Carvalho<sup>1</sup>, Eduardo Luiz Gasnhar Moreira<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Programa de Pós-Graduação em Neurociências, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*lucas.a.s.b\_@hotmail.com

<sup>2</sup>Departamento de Ciências Fisiológicas, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil

### Resumo

A motivação para obter e consumir alimentos palatáveis e ricos em energia é um fator importante no controle da ingestão de alimentos e desempenha um papel fundamental no desenvolvimento e manutenção de distúrbios alimentares. Alimentos palatáveis (ricos em açúcar e gordura) agem como recompensas e promovem seu consumo, mesmo na ausência de um requisito energético, pois desencadeiam associações aprendidas entre o estímulo e a recompensa. O objetivo deste trabalho foi comparar os efeitos reforçadores do chocolate entre camundongos machos e fêmeas através do clássico modelo de preferência condicionada ao lugar (PCL). O aparato de PCL consiste em uma caixa retangular com dois compartimentos (20x20x20 cm) com diferentes pistas visuais, táteis e olfativas. Camundongos Swiss machos e fêmeas (3-6 meses de idade) foram submetidos ao jejum (4-6 horas) três dias antes e durante todo o protocolo de PCL. A tarefa de PCL foi conduzida em 3 etapas em 22 dias consecutivos: (i) Pré-condicionamento (4<sup>o</sup> dia), cada animal teve livre acesso aparato (2 compartimentos) por 15 minutos. Foram excluídos os animais que apresentaram preferência basal (< 85%) por um dos compartimentos. (ii) Condicionamento do 5<sup>o</sup> ao 24<sup>o</sup> dia, uma vez ao dia, cada animal era confinado em um dos compartimentos A (chocolate + odor de café) ou B (sem chocolate + odor de baunilha) por 30 min, durante 20 sessões alternadas. O grupo controle era pareado apenas com os odores. (iii) Teste pós-condicionamento (25<sup>o</sup> dia) foi idêntico ao teste de pré-condicionamento. O percentual de tempo gasto no lado pareado ao chocolate em relação ao lado não pareado foi calculado para obter o índice de PCL. A quantidade de recompensa consumida foi registrada a cada sessão. A análise estatística dos dados foi realizada através da ANOVA/Newman Keuls quando apropriado ( $p < 0,05$ ). Houve uma diferença no consumo de chocolate ao longo do condicionamento ( $F_{9, 153} = 5,87$ ,  $p < 0,000001$ , ANOVA de 1 via com repetição) e no consumo médio ( $F_{1, 17} = 4,9685$ ,  $p = 0,04$ ; ANOVA de 1 via) entre machos e fêmeas, sendo que os machos consumiram menos chocolate. A ANOVA de 2 vias não detectou diferença significativa entre os sexos, porém revelou um efeito significativo da recompensa ( $F_{1, 27} = 14,87$ ,  $p < 0,01$ ) e uma interação entre ambos ( $F_{1, 27} = 6,73$ ,  $p < 0,05$ ;  $n = 7-9/\text{grupo}$ ). Apenas as fêmeas apresentaram um aumento no índice de PCL comparadas ao controle ( $p < 0,001$ ) e desenvolveram preferência. Conclui-se que, nessas condições experimentais, apenas camundongos fêmeas foram sensíveis aos efeitos reforçadoras do chocolate e adquiriram a PCL (CEUA/UFSC, PP7966250520).

**Palavras-chave:** Preferência condicionada ao lugar, camundongo, alimento palatável, recompensa alimentar, sexo.





## REPOSICIONAMENTO DE FÁRMACOS PARA COVID-19 A PARTIR DE ANÁLISES DE BIOLOGIA DE SISTEMAS

Renan Vinicius da Silva<sup>1\*</sup>, Juliano Ferreira<sup>1</sup>, Edroaldo Lummertz da Rocha<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Departamento de Farmacologia, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil -  
\*reyrenan7@gmail.com

### Resumo

A COVID-19 é uma infecção viral sistêmica causada pelo coronavírus SARS-COV-2, cujos sintomas causam desde distúrbios respiratórios e gastrointestinais, até efeitos neurológicos, cardiovasculares e renais. O contágio acelerado levou à recente pandemia que infectou mais de 5,5 milhões de brasileiros, tornando-se um dos principais problemas sanitários atuais. No momento não há tratamento eficaz para a COVID-19, e a utilização de fármacos existentes tem sido amplamente avaliada. Neste contexto, a biologia de sistemas possibilita uma compreensão holística sobre a patobiologia da COVID-19, e através do sequenciamento de RNA de célula única (scRNA-seq), determinam-se parâmetros como diferenças na expressão gênica, das vias de sinalização e dos receptores virais, acelerando o desenvolvimento de opções terapêuticas. Nesta revisão do estado da arte, buscou-se na literatura estudos de reposicionamento de fármacos para COVID-19 que utilizam biologia de sistemas e scRNA-seq para identificação de alvos terapêuticos. Dentre os antirretrovirais do HIV, a didanosina atua na desregulação gênica do receptor ACE-2 em células pulmonares AT2, enquanto o lopinavir/ritonavir atua na desregulação gênica em células imunes (B e NK) presentes no fluido do lavado broncoalveolar (BALF) em diversos estágios da COVID-19. No grupo dos anticorpos monoclonais, o tocilizumabe age na redução sintomática inibindo receptores pró-inflamatórios (IL-6) em monócitos no pulmão, já o BD-368-2 atua como neutralizante terapêutico e profilático, indicado após scRNA-seq de clonotipos de células B e avaliado em camundongos transgênicos. O inibidor de protease, mesilato de camostat, aparece como bloqueador do receptor viral TMPRSS2, expresso em diversas células pulmonares. A partir de semelhanças nas vias de sinalização em células do BALF infectadas e células de camundongos com síndrome respiratória aguda grave (SRAG), o tetrahydrocannabinol foi sugerido como terapia, já que o mesmo reduz sintomas da SRAG. Associando a COVID-19 a outras patologias, obteve-se os fármacos antirreumáticos, tiopurina e cloroquina, como inibidores da proteína S viral em pneumócitos I/II. Ademais, drogas metabolizadas simultaneamente por hepatócitos e células imunes do fígado destes pacientes apresentam potencial hepatotóxico, visto diferenças nas expressões enzimáticas de CYP450 em ambos tipos celulares. Em conclusão, os resultados desta revisão apontam para antivirais específicos, anticorpos monoclonais e antirreumáticos como principais escolhas terapêuticas para a COVID-19, algumas atualmente em etapas de validação *in vitro* e *in vivo*, coincidindo com fármacos propostos por métodos tradicionais de reposicionamento. Logo, a utilização de biologia de sistemas e scRNA-seq atrelados à farmacologia consiste numa estratégia promissora de otimização da busca e desenvolvimento de soluções para a COVID-19 e demais doenças.

**Palavras-chave:** COVID-19, biologia de sistemas, genômica de célula única.



## ESTATINAS NA REPRODUÇÃO MASCULINA E NA QUALIDADE ESPERMÁTICA: UMA REVISÃO CRÍTICA DA LITERATURA

Tainara Fernandes de Mello<sup>1\*</sup>, Yara Maria Rauh Muller<sup>1</sup>, Gabriel Adan Araujo Leite<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Departamento de Biologia Celular, Embriologia e Genética, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*tai.mello.f@gmail.com

### Resumo

Nos últimos anos, observou-se um aumento na taxa de obesidade na população, resultante principalmente da mudança no estilo de vida, refletindo em casos mais frequentes de dislipidemia secundária em jovens e adultos. As estatinas são medicamentos hipolipemiantes amplamente usadas no controle das hiperlipidemias e para reduzir o risco de doenças cardiovasculares, atuando na diminuição da síntese endógena do colesterol através da inibição competitiva da enzima 3-hidroxi-3-metilglutaril coenzima A redutase (HMG-CoA redutase), uma enzima limitante na biossíntese de colesterol. O objetivo deste estudo foi realizar uma revisão crítica da literatura sobre os possíveis efeitos das estatinas no sistema reprodutor masculino e na qualidade espermática humana e de roedores. Para tal, foram utilizados os sistemas de busca em bancos de dados SciELO, PubMed e Google Scholar, usando as palavras-chave “statin AND humans AND sperm quality”, “statin AND humans AND male reproduction”, “statin AND rats AND sperm quality” “statin AND rats AND male reproduction”. Foram obtidos doze trabalhos desde 2014, sendo que sete deles utilizaram ratos como modelo experimental e cinco foram realizados com seres humanos. Em trabalhos com seres humanos adultos do sexo masculino, destacou-se alteração nas concentrações hormonais, com a diminuição dos níveis séricos de testosterona, além da disfunção erétil. Outros parâmetros, como as análises espermáticas (reação acrossômica, vitalidade, número, motilidade e morfologia espermática), volume do sêmen e composição do fluido seminal mostraram-se alterados em alguns estudos com seres humanos, entretanto outro trabalho não demonstrou prejuízo nestes parâmetros após o uso de estatinas. Nos estudos realizados com ratos, destacou-se também as disfunções hormonais, como a redução na concentração de testosterona sérica. Além disso, houve diminuição da expressão de receptores androgênicos no testículo e epidídimo, aumento da frequência de morte de células germinativas no testículo, hiperplasia de células claras na cauda do epidídimo, aumento no dano de DNA espermático e redução da qualidade espermática em ratos adultos expostos à rosuvastatina na pré-puberdade. Em suma, os resultados das referências analisadas indicam que as estatinas reduzem as concentrações de testosterona sérica em ratos e seres humanos, além de afetarem a estrutura do sistema genital masculino de ratos, sugerindo que as estatinas possam agir como desreguladores endócrinos.

**Palavras-chave:** Estatinas, humanos, ratos, reprodução.



## IMPLEMENTAÇÃO DE NOVOS AGLOMERANTES ÀS CONSTRUÇÕES BRASILEIRAS COMO OBJETIVO DE DESENVOLVIMENTO SUSTENTÁVEL (ODS)

Isabela Mayra Fernandes<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Centro Universitário Unifacvest, Lages, Santa Catarina, Brasil - \*isaferengcivil@outlook.com

### Resumo

No ano de 2015 a Organização das Nações Unidas (ONU) deu início a um projeto que propõe a elaboração de uma agenda mundial para o ano de 2030 nomeada como Objetivos de Desenvolvimento Sustentável (ODS). O projeto estabeleceu métricas para a construção e implementação de políticas públicas que visam guiar a humanidade até 2030. Ficou estabelecido um plano de ação internacional para o alcance dos 17 ODS que possuem cerca de 169 metas e abordam diversos temas fundamentais para o desenvolvimento humano, em cenários distintos como: seres vivos, planeta, prosperidade, companheirismo e paz. Assim, o objetivo deste estudo é propor diversas alternativas ecológicas como possíveis resoluções de um dos ODS no Brasil. Realizou-se pesquisa integrativa com base em dados da Green Building Council Brasil, estudo realizado através das palavras-chave: gás carbônico, meio ambiente e urbanização sustentável e compreende-se que a indústria cimentícia é responsável pela formação e emissão de cerca de 5 a 8% de gás carbônico (CO<sub>2</sub>) depositados na atmosfera, sendo assim, um dos setores que mais poluem no planeta. Portanto, este trabalho apresenta através de uma revisão sobre o estado da arte de diversas medidas mitigatórias e métodos tecnológicos emergentes criados no mundo que, asseguram a diminuição dos impactos ambientais causados pela construção civil ao meio ambiente, que se enquadra nos preceitos da ODS. Resumidamente os mecanismos de absorção de CO<sub>2</sub> e a cinética da carbonatação são identificados. E dessa forma, é possível trazer para o embate questões como a eficiência de captação de CO<sub>2</sub>, viabilidade econômica no uso dos materiais à base de cimento, análise e comparação com materiais convencionais, produção de novos aglomerantes em grande escala no país, desafios industriais, investigações a respeito dessas novas tecnologias, impactos ambientais e até mesmo a implementação de um ou mais materiais às construções brasileiras para que possam ser utilizados na elaboração e surgimento de cidades e comunidades ecológicas e sustentáveis, estabelecido como 11º Objetivo de Desenvolvimento Sustentável e garantindo a preservação da biodiversidade do planeta onde nós, como seres humanos, compartilhamos a nossa existência com a das outras espécies.

**Palavras-chave:** Engenharia Civil; Ecologia; Gás Carbônico (CO<sub>2</sub>); Objetivos de Desenvolvimento Sustentável (ODS).



## CONTAMINAÇÃO DE AMBIENTES DE ÁGUA DOCE ACIMA DO AQUÍFERO GUARANI

Rafael Dorighello Cadamuro<sup>1\*</sup>, Paula Rogovski<sup>1</sup>, Estêvão Brasiliense<sup>1</sup>, Aline Viancelli<sup>2</sup>, William Michelon<sup>2</sup>, Gislaíne Fongaro<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Virologia Aplicada, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil -  
\*rafaelcada@hotmail.com

<sup>2</sup>Universidade do Contestado, Concórdia, Santa Catarina, Brasil

### Resumo

O presente estudo relata a contaminação nas regiões Centro-Oeste e Sudeste do Brasil, localizadas acima do Aquífero Guarani, os maiores reservatórios de água doce do mundo. Três Lagoas, município localizado no Centro-Oeste, estado de Mato Grosso do Sul possui uma importante área de lazer, a Lagoa Maior, definido como ecossistema lântico de água doce. Concórdia, localizada no Sul, estado de Santa Catarina possui o Rio Queimados, que é circundado por uma malha urbana e definido como um ecossistema lótico. Nesse contexto, os vírus entéricos foram avaliados em cada localidade, considerando Adenovírus Humano (HAdV), Norovírus (NoV), Rotavírus-A (RVA), Hepatite A (HAV) e Vírus Porcino 2 (PCV-2). Os locais de amostragem foram monitorados durante o ano de 2018. Um litro das amostras foi coletado e processado por método de concentração viral por membrana negativa, extração de ácidos nucléicos por Mini Kit II e quantificação por PCR em tempo real. As amostras da Lagoa Maior apresentaram resultados positivos para RVA, HAdV, NoV e HAV. O maior número de partículas foi encontrado no mês de junho, sugerindo uma possível relação entre a estação seca e o acúmulo de partículas na água, a variação total ficou entre  $10^1$  e  $10^2$  GC/L. Amostras do Rio Queimados apresentaram contaminação de RVA, HAdV, HAV e PCV-2. RVA variou de  $10^2$  a  $10^5$  CG/L, HAV variou de  $10^2$  e  $10^4$  CG/L e o PCV-2 foi detectado em concentrações variando de  $10^3$  a  $10^4$  GC/L. A presença de PCV-2 indica contaminação do corpo d'água por dejetos de suíno contaminado. Os resultados mostram os efeitos da falta de gestão de efluentes no manancial, evidenciando a necessidade de políticas adequadas de gestão de resíduos e proteção da água, principalmente devido ao potencial de contaminação de corpos d'água, como lençóis freáticos.

**Palavras-chave:** Corpos d'água, vírus entéricos, lençol freático, contaminação ambiental.



## PARTICIPAÇÃO NO ÓXIDO NÍTRICO DERIVADO DA NOS-1 (NNOS) NA DISFUNÇÃO MUSCULAR ESQUELÉTICA SEPSE

Carolina Henkes Inamassu<sup>1\*</sup>, Geisson Marcos Nardi<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Programa de Pós-Graduação em Biologia Celular e do Desenvolvimento, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil – \*carolinah.inamassu@gmail.com

<sup>2</sup>Departamento de Ciências Morfológicas, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil

### Resumo

A sepse é uma doença caracterizada por uma infecção descontrolada que leva à uma resposta inflamatória sistêmica exagerada e à falência de múltiplos órgãos; e no músculo esquelético (ME) promove a perda de força, disfunção e atrofia. Essas alterações são agravadas por longos períodos de internação, sendo umas das principais causas de mortalidade de sobreviventes a longo prazo. Um dos principais envolvidos nessa enfermidade é o óxido nítrico (NO), mediador responsável pela regulação do metabolismo, transmissão neuromuscular, função contrátil, tônus vascular e da inflamação. Durante a sepse a sua atividade é elevada, assim como sua produção por enzimas óxido nítrico sintases (NOS-1, NOS-2 e NOS-3). No ME, a enzima mais encontrada é a NOS-1 (ou nNOS), e sua expressão sofre um aumento significativo no processo inflamatório. Sendo assim, esse trabalho buscou verificar o papel da NOS-1 no ME na sepse, a partir de pesquisa bibliográfica em plataformas e revistas de referência na área da saúde humana, desde 1990 até 2020. Foram buscados de forma relacionada os termos NOS-1, sepse e músculo esquelético, e cerca de 50 trabalhos foram obtidos que abordaram o tema de maneira experimental, ou em revisões. Dentre os pontos revisados, ficou evidente que a ligação entre a NOS-1 e a disfunção muscular ainda não está totalmente caracterizada. Os estudos sugerem que algumas vias metabólicas influenciadas pela sepse poderiam causar a perda de massa muscular, como: a alteração da bioenergética mitocondrial, baixa síntese e degradação proteica, stress oxidativo, perturbação da homeostase de cálcio, aumento de citocinas pró-inflamatórias, disfunção do sarcolema, quebra e degeneração do citoesqueleto e a inibição do potencial de ação muscular. Sobre a influência da NOS-1, notou-se que a inibição inespecífica das óxido nítrico sintases restaurou a força e contração muscular, mas que isso ocasionou um déficit na oxigenação tecidual. Além disso, levantaram-se hipóteses de que a NOS-1 teria um caráter protetor contra o stress metabólico, e aumentaria o fluxo sanguíneo, de substratos e de oxigênio aos tecidos de modo sistêmico. O caráter benéfico ou deletério dessa enzima também ainda não foi elucidado, principalmente na fase tardia da sepse, quando as manifestações da disfunção muscular são mais acentuadas. Portanto, o incentivo a pesquisas que possam ampliar o conhecimento do papel da nos-1 no ME são fundamentais para o entendimento patofisiológico que leva às disfunções musculares, e esses resultados podem aumentar a sobrevivência de muitos pacientes acometidos por essas disfunções musculares.

**Palavras-chave:** Sepse, músculo esquelético, NOS-1, inflamação.



## AVALIAÇÃO *IN SILICO* DA ESTRUTURA BACTERIANA DE DRENAGENS ÁCIDA DE MINAS POR META-TAXONOMIA

Estácio Jussie Odisi<sup>1 2\*</sup>, Robert de Freitas Cardoso<sup>2</sup>, André Oliveira de Souza Lima<sup>2</sup>, Leonardo Rubi Rörig<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Ficologia, Departamento de Botânica, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil - \*estacio86@gmail.com

<sup>2</sup>Laboratório de Genética Molecular, Escola do Mar, Ciência e Tecnologia, Universidade do Vale do Itajaí, Itajaí, Santa Catarina, Brasil

### Resumo

A drenagem ácida de mina (DAM) é gerada durante a exploração de minérios tornando-se um problema ambiental mundial devido aos elevados níveis de acidez e toxicidade por metais pesados nos recursos hídricos e solo. Os métodos convencionais empregados para seu tratamento são caros, invasivos, insuficientes e não fazem uso eficaz dos recursos biotecnológicos existentes. Neste contexto, foi avaliada *in silico* a estrutura bacteriana presente em DAM através de dados públicos de sequenciamento metagenômico 16S rRNA. Foram selecionadas 1060 amostras no banco de dados SRA (*Sequence Read Archive*) do NCBI (*National Center for Biotechnology Information*), as quais foram pré-processadas através do programa FASTP, para remover leituras de baixa qualidade. A anotação taxonômica foi realizada utilizando software de análise de microbiomas MAPSEQ. A análise estatística (análise de variância  $p < 0,05$ ) e geração de gráficos foram realizados pelo software STAMP. A fim de melhor representar esse problema de maneira global, foram consideradas amostras de diferentes matrizes (Água, Areia, Argila, Biofilme, Rejeitos, Rio, Rocha, Sedimento, Solo, *Wetland*), da exploração de vários minérios (Au, Au/Zn, Carvão, Cu, Cu/Zn, Fe, Pb/Zn) e diversos países (África do Sul, Austrália, Brasil, Canadá, China, Estados Unidos, Finlândia, França, Índia, Portugal, Reino Unido). A avaliação comparativa da frequência dos gêneros taxonômicos por Análise de Componentes Principais (PCA) da localidade da mina apresentou um agrupamento distinto para França frente aos outros países. A mesma análise aplicada ao tipo de minério apontou um agrupamento para minas de Pb/Zn, enquanto a análise das matrizes mostrou um agrupamento diferente para amostras coletadas em água e biofilme. Posteriormente, foram selecionadas 130 amostras de biofilmes para avaliação em função do pH. A análise de PCA por gêneros taxonômicos apresentou um agrupamento isolado de amostras com pH 4-7,5, enquanto as amostras de pH 2,5-3,5, apresentaram um perfil amplamente disperso. A análise de frequência de filotaxônômicos também evidencia diferença nas faixas de pH, onde o pH 2,5-3,5 possui o filo Proteobacteria como dominante, seguido por Acidobacteria e Nitrospirae. Enquanto no pH 4-7,5, o filo Proteobacteria se mantém dominante, mas em proporção menor, seguido pelos filotaxônômicos Bacteroidetes e Actinobacteria. Por fim, foram avaliados a presença de gêneros de bactérias redutoras de sulfato (Catalizam biorremediação de DAM), onde alta frequência de *Acidithiobacillus*, *Leptospirillum* e *Gallionella* foram observadas em amostras de biofilme coletadas em pH 2,5-3,5. A partir deste trabalho é possível observar que a matriz biofilme coletada em DAM em pH 2,5-3,5 apresenta características interessante para estudos em biorremediação.

**Palavras-chave:** drenagem ácida de mina, meta-taxonomia, biofilme, metais pesados.