

Conteúdo

Atividade mutagênica de extratos etanólicos e metanólicos de <i>Lippia alba</i> em células de cultura primária de tumor ascítico de Ehrlich	2
Análises preliminares da ocorrência de competição de esperma em <i>Drosophila mediopunctata</i> (Diptera; Drosophilidae).....	4
Avaliação do potencial da piramidação gênica na promoção da resistência a FAS (ferrugem asiática da soja)	6
Caracterização do domínio DUF4130 e proteínas associadas do sistema de reparo de DNA	8
Clonagem do gene Transglutaminase de <i>Marinobacter excellens</i> LAMA 842 em <i>Escherichia coli</i>	10
Estudo retrospectivo de casos com neoplasia mamária HER-2 positiva em Guarapuava-PR ...	12
Frequência de detecção de picobirnavírus em fezes de frango de corte provenientes de aviários com diferentes índices zootécnicos de produtividade	14
Otimização da técnica de cultivo de folhas de soja destacadas em placa de petri para multiplicação do fungo <i>Phakopsorapachyrhizi</i>	16
Pênfigo foliáceo e a via das lectinas do complemento: evidência de associação com <i>MASPI</i> ...	18
VIPER: um retrotransposon potencialmente ativo em <i>Trypanosoma cruzi</i>	20

ÁREA DE INTERESSE: MUTAGÊNESE

**ATIVIDADE MUTAGÊNICA DE EXTRATOS ETANÓLICOS E
METANÓLICOS DE *Lippia alba* EM CÉLULAS DE CULTURA PRIMÁRIA DE
TUMOR ASCÍTICO DE EHRlich**

Dyna, AL.^{1,2}, Orcini, WA. ², Bellini, MF. ^{1,2}

1.Universidade do Sagrado Coração, Centro de Ciências da Saúde, Bauru, São Paulo, Brasil.

2.Universidade do Sagrado Coração, Laboratório de Biologia Molecular e Citogenética, Bauru, São Paulo, Brasil.

E-mail: A.L.Dyna@outlook.com; marilanda_bellini@yahoo.com

Resumo: *Lippia alba* é uma das plantas utilizadas pela população brasileira como ansiolítica. O presente trabalho tem como objetivo avaliar os potenciais mutagênicos dos extratos alcoólicos de *L. alba* em cultura primária de células de Tumor Ascítico de Ehrlich. Para o teste de micronúcleo foi utilizado 5×10^4 de células de lavado peritoneal de camundongos *swiss* com 7 dias de evolução tumoral, as mesmas foram ressuspensas em meio de cultura RPMI, contendo 10% de Soro Bovino Fetal e 1% de antibiótico (penicilina e estreptomicina), as células foram mantidas em estufa à 37°C, por 8h para estabilização. Posteriormente, foram administrados extrato etanólico (EE) e metanólico (EM) de *L. alba* (LA) na concentração de 0,1mg/mL por 48h. Um total de 1000 células mononucleadas de tumor ascítico de Ehrlich foram analisadas por tratamento por repetição (2 repetições), em microscópio de luz, contabilizando a presença de micronúcleos. As culturas primárias de tumor de Ehrlich, mantidas como controle apresentaram (média \pm desvio-médio) $4,5 \pm 0,707$ células com micronúcleos. O extrato metanólico *L. alba* apresentou $65,0 \pm 1,414$ ($p= 0,0053$), totalizando 130 células micronucleadas, já o extrato etanólico *L. alba* apresentou $115,0 \pm 49,497$ ($p= 0,1979$), totalizando 230 células com micronúcleos. Análise estatística (t-Student) apresentou

diferença significativa apenas para EMLA, todavia, os resultados obtidos indicam que ambos extratos testados (EELA, EMLA) aumentam o número de células micronucleadas, levando a sugerir que apresentem atividade mutagênica nas células de cultura primária de Tumor Ascítico de Ehrlich.

Palavras – chave: *Lippia alba*; Tumor Ascítico de Ehrlich; Micronúcleo.

Financiamento: FAPESP (Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo), CNPq (Conselho Nacional de Pesquisa e Desenvolvimento).

ÁREA DE INTERESSE: GENÉTICA, EVOLUÇÃO E MELHORAMENTO ANIMAL

**ANÁLISES PRELIMINARES DA OCORRÊNCIA DE COMPETIÇÃO DE
ESPERMA EM *DROSOPHILA MEDIOPUNCTATA* (DIPTERA;
DROSOPHILIDAE)**

Camila Heloíse dos Santos¹, Lorena Tayrini de Oliveira da Silva ¹, Silvana Aparecida Beira¹, Luciana Paes de Barros Machado¹, Rogério Pincela Mateus¹

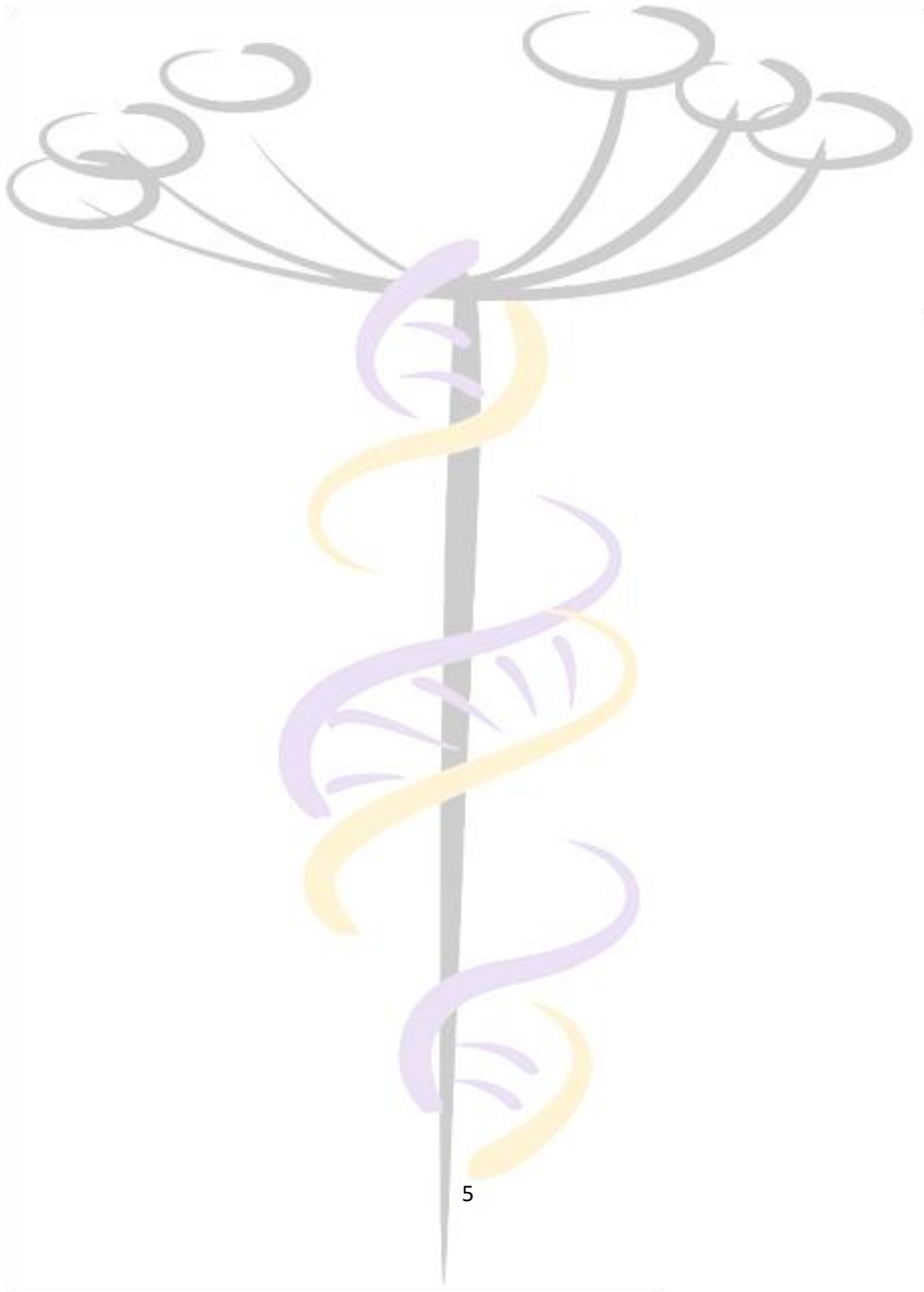
1. Universidade Estadual do Centro Oeste - UNICENTRO;

E-mail: chscamilasantos@yahoo.com

Resumo: Em espécies do gênero *Drosophila* (Diptera; Drosophilidae), a competição de esperma possibilita a escolha da fêmea pelo melhor conjunto de espermatozoide, gerando uma F1 multiparental proveniente de uma mesma oviposição, a chamada poliandria, o que resulta também em uma maior variabilidade genética da progênie. *Drosophila mediopunctata* é uma espécie de distribuição neotropical que pouco se conhece sobre sua biologia reprodutiva. Este trabalho teve como objetivo uma investigação preliminar da ocorrência de competição de esperma em fêmeas de *D. mediopunctata*. Para investigação da paternidade da F1 de cinco fêmeas inseminadas na natureza, foram amplificados quatro loci de microssatélites descritos para a espécie. A análise dos produtos da amplificação revelou que a F1 de ao menos três fêmeas apresentou quatro alelos de origem paterna. Como cada indivíduo pode apresentar no máximo dois alelos, conclui-se que a F1 foi produzida por espermatozoides de, no mínimo, dois doadores, revelando poliandria nesta espécie. Estudos futuros poderão demonstrar a relação deste sistema de acasalamento com a intensidade da seleção sexual em acasalamentos intra e interpopulacional de *D. mediopunctata*.

Palavras – chave: Múltipla paternidade; Seleção Sexual; Marcador Microssatélite

Financiamento: CNPq - Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico



ÁREA DE INTERESSE: GENÉTICA, EVOLUÇÃO E MELHORAMENTO VEGETAL E MICROORGANISMOS

**Avaliação do potencial da piramidação gênica na promoção da resistência a FAS
(Ferrugem Asiática da soja)**

Bruna Martins Carvalho¹, Marielle Gabriel¹, Roberta de Paula Saturnino Costa¹,
Rafaelly de Oliveira Souza¹, Anderson Roberto Benedetti¹, Luan Vitor Alves de Lima¹,
Larissa de Assis Carrets¹, Mayra Costa da Cruz Gallo de Carvalho¹.

¹ Universidade Estadual do Norte do Paraná – Campus Luiz Meneghel

Resumo: A Ferrugem Asiática da soja (FAS) é uma doença foliar que ocasiona o desenvolvimento de lesões que dão às folhas o aspecto de enferrujada. A doença é causada pelo fungo *Phakopsora pachynhzi*, um parasita obrigatório da planta hospedeira. Essa doença causa sérios prejuízos a sojicultura no Brasil, devido sua rápida dispersão à baixa eficiência do controle químico e principalmente, da ausência de genótipos amplamente resistentes. Alguns genótipos de soja foram caracterizados como portadores de genes de resistência a raças específicas do patógeno, entre eles, as PIs: PI230970 (Rpp2), PI459025 (Rpp4), PI200526 (Rpp5). Uma das estratégias buscadas no melhoramento da resistência não transgênica é a piramidação de genes que conferem resistência a raças específicas do patógeno, oferecendo uma alternativa importante na resposta de resistência a doença. A exemplo, o genótipo piramidado (NO6.12). Nesse sentido, foi feita a avaliação do perfil de resistência a FAS, nos três genótipos PIs portadores dos genes acima mencionados e comparados com o genótipo Linhas piramidadas –Rpp (família BC¹F3) onde os três genes foram piramidados (Rpp2, Rpp4 e Rpp5). Plantou-se os 4 diferentes genótipos, com 10 repetições cada, após o nascimento do terceiro trifólio, inoculou-se os esporos do fungo. Após a aparição das primeiras lesões foram feitas avaliações fenotípicas, usando os seguintes critérios de avaliação: período de latência e incubação, nível de esporulação, severidade, e cor da

lesão. Os resultados obtidos sugerem que a linha de piramidação apresentou maior resistência à doença que os outros genótipos, devido ao baixo nível de esporulação e menor grau de severidade.

Palavras-chave: *Phakapsora pachynhzi*; FAS; resistência.

Financiamento: Fundação Araucária de Apoio ao Desenvolvimento Científico e Tecnológico do Estado do Paraná.

ÁREA DE INTERESSE: GENÔMICA E BIOINFORMÁTICA

Caracterização do domínio DUF4130 e proteínas associadas do sistema de reparo de DNA

Dayanne Chagas Sampaio, Robson Francisco de Souza

Laboratório de Estrutura e Evolução de Proteínas – Departamento de Microbiologia -
Instituto de Ciências Biomédicas – Universidade de São Paulo – Brasil

E-mail: daycs.88@gmail.com

Resumo: O sistema SOS é um circuito regulatório amplamente distribuído em bactérias e responsável pelo reparo do DNA em situações de estresse. Um dos principais componentes, a proteína RecA, catalisa a troca de fitas durante a recombinação homóloga e promove a auto-proteólise de LexA, iniciando a cascata de eventos que leva à interrupção do ciclo celular e reparo dos danos no DNA. Recentemente, o domínio DUF4130 foi apontado como um provável novo componente do sistema SOS. Neste trabalho expandimos a análise da evolução da família DUF4130 e exploraremos o padrão de vizinhança gênica e fusões com genes do sistema SOS, como as UDG e a fotoproduto liase que normalmente são observados na sua vizinhança. Nossa análise permitirá a elaboração de hipóteses sobre a estrutura e a função desse domínio. Iniciamos nossa busca por homólogos da família DUF4130 aplicando o modelo do banco de dados Pfam para a família DUF4130 em buscas no banco de dados de proteínas não-redundantes do NCBI (NR). Usando o programa blastclust, agrupamos essas sequências por similaridade e identificamos sua arquitetura de domínios usando os modelos do Pfam (hmmScan). Representantes para cada cluster foram selecionados e utilizados em novas buscas iterativas com JackHMMER. Os mesmos representantes foram incorporados a um alinhamento múltiplo (Muscle), a partir do qual foi inferida a árvore filogenética do domínio DUF4130 (FastTree). O DUF4130 está presente em todos os grandes filos de bactérias e em algumas arqueias, porém não é encontrado em eucariotos. Apenas duas arquiteturas de domínios foram observadas: a maioria dessas

seqüências contém apenas o domínio DUF4130, e um conjunto menor corresponde à fusão do DUF4130 com UDG. No alinhamento múltiplo das regiões correspondentes ao domínio DUF4130, a quantidade e distribuição dos resíduos polares conservados sugere que este domínio é capaz de atividade enzimática. A filogenia baseada nesse alinhamento indica que as fusões do DUF4130 com UDG constituem uma sub-família distinta. Os resíduos conservados apenas na sub-família de DUF4130 que inclui as fusões com UDG são distintos dos outros DUF4130. Isso significa que a função desta sub-família pode ter divergido das demais e que, para entender melhor quais são os resíduos críticos para a função do domínio DUF4130 será necessário investigar os exemplos de DUF4130 que ocorrem em outros contextos. No momento, estamos analisando o padrão de vizinhança gênica e a filogenia dos genes UDG e da fotoliase para entender as conexões evolutivas entre essas famílias e a família DUF4130.

Palavras – chave: Uracil-DNA glicosilase; Sistema SOS; fotoproduto.

Financiamento: CAPES.

ÁREA DE INTERESSE: GENÔMICA E BIOINFORMÁTICA.

**Clonagem do gene Transglutaminase de *Marinobacter excellens* LAMA 842 em
*Escherichia coli***

André Oliveira de Souza Lima¹, Wilson Roberto Campos², Tiele Fraga de Souza¹,
Jéssica Alvares dos Santos¹

1. Universidade do Vale do Itajaí (UNIVALI) - Laboratório Genética Molecular;
2. Universidade do Vale do Itajaí (UNIVALI) - Laboratório Genética Molecular;

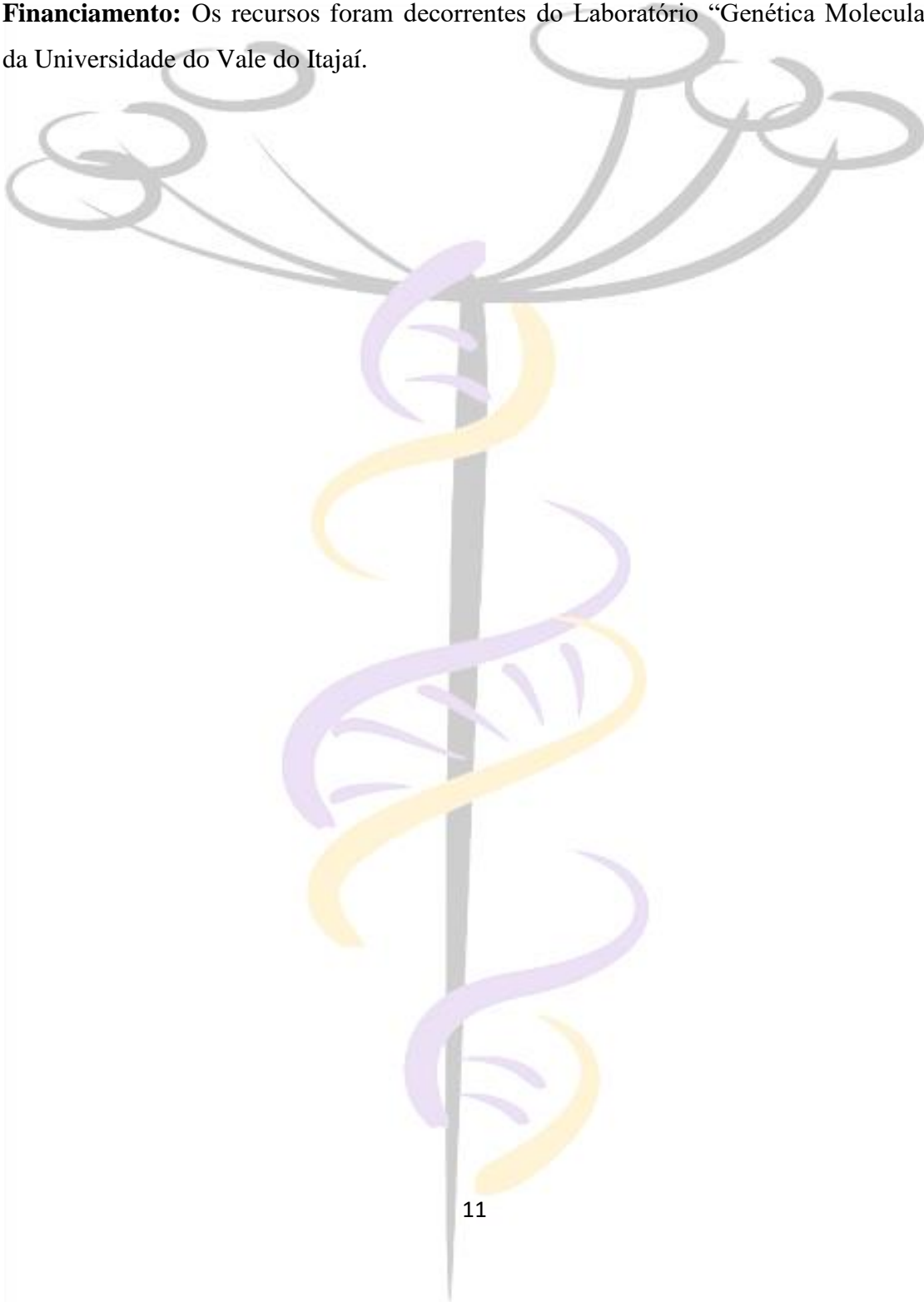
E-mail: wilson_itp@hotmail.com

Resumo: Transglutaminases são enzimas de grande importância biotecnológica, sendo utilizada em vários processos industriais de diferentes áreas (alimentícia, farmacêutica, têxtil, etc.). Todavia, alguns destes processos são realizados em condições extremas de pH e temperatura, o que exige que as enzimas também sejam ativas sob estas condições. A fim de obter novas enzimas ativas em condições extremas, o grupo de pesquisa em genética molecular (UNIVALI), tem prospectado bactérias marinhas de zonas abissais (5.000 m profundidade) produtoras de transglutaminase. Assim, têm-se como objetivo a clonagem do gene codificante para a enzima transglutaminase de *Marinobacter excellens* LAMA 842 no microrganismo *Escherichia coli*. Para tanto, procedeu-se a localização da sequência do gene transglutaminase no microrganismo *M. excellens* LAMA 842, com base no NCBI e na ferramenta de comparação (BLAST). Em seguida, primers específicos para o alvo de interesse foram desenhados e o gene amplificado por meio da PCR. A partir do produto da amplificação, o gene foi transferido para um vetor de clonagem, pGEM-T Easy vector (Promega). Para receber o plasmídeo resultante das ligações do vetor, as células de *Escherichia coli* DH5- α estavam competentes onde se adotou o método de eletroporação. Para a confirmação do gene realizou-se uma reação de PCR de colônia. Por fim, uma entre as colônias positivas para o PCR de colônia teve seu plasmídeo extraído e armazenado. Como produto, espera-se obter gene de

transglutaminase ativa, bem como conhecer as condições ideais de seu uso, dando destaque ao fato de que estes genes/proteínas são passíveis de patenteamento.

Palavras – chave: Biotecnologia; Transglutaminase; *Marinobacter excellens*;

Financiamento: Os recursos foram decorrentes do Laboratório “Genética Molecular” da Universidade do Vale do Itajaí.



ÁREA DE INTERESSE: MUTAGÊNESE

ESTUDO RETROSPECTIVO DE CASOS COM NEOPLASIA MAMÁRIA HER-2 POSITIVA EM GUARAPUAVA – PR

Luana Garcia¹, Gonzalo Ogliari Dal Forno².

1. Pós-Graduanda em Engenharia Genética pela Universidade Positivo;
2. Docente Orientador da Faculdade Campo Real – Mestre em Biologia Celular e Molecular pela Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul.

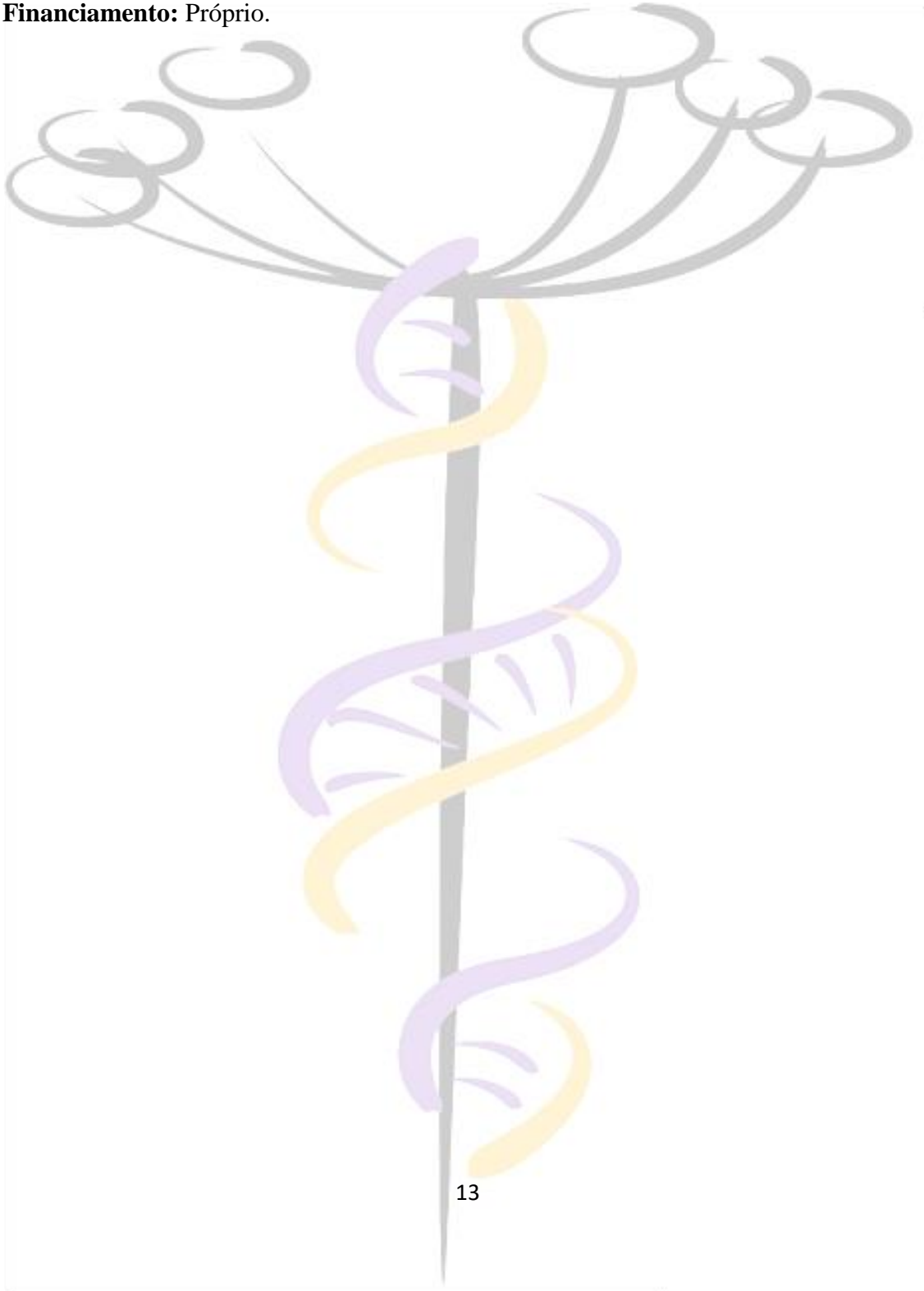
E-mail: luanagarcia@hotmail.com

Resumo: A neoplasia mamária é uma doença complexa e heterogênea, que implica em prognósticos e respostas terapêuticas distintas. A detecção da expressão elevada da oncoproteína HER-2 ou da amplificação do gene de mesmo nome é um indicador de pior prognóstico da doença e está associada à falta de resposta a certas medicações antitumorais. Isto posto, o Trastuzumabe é um medicamento que age em sítios específicos das células tumorais e gera grande benefício ao melhorar as taxas de resposta, diminuir a evolução da doença, aumentar tanto a sobrevida livre de doença quanto a global. O presente estudo estabeleceu como objetivo avaliar a presença de superexpressão e/ou amplificação de HER-2 em pacientes mulheres portadoras de câncer de mama. Após a análise de um total de 87 prontuários entre 2014 e 2015 em uma clínica oncológica na cidade de Guarapuava – PR, apenas foram incluídas na pesquisa aquelas pacientes com diagnóstico histopatológico de carcinoma mamário HER-2 positivo, a fim de se elucidar as etapas do diagnóstico e desenvolvimento da doença, bem como do modelo de terapia utilizado. Notou-se que 15 eram portadoras de HER-2 e realizaram o teste de imunistoquímica, sendo que somente 20% precisaram do teste molecular confirmatório. O subtipo HER-2, que em outros estudos apresenta frequência entre 15 e 30%, foi identificado em 17,2% da população estudada. Quanto ao tratamento, 33,3% faz uso do Trastuzumabe e está respondendo adequadamente. A

determinação do perfil fenotípico do carcinoma mamário garantiu orientar um melhor desfecho de tratamento e, como consequência, acabou por gerar um melhor prognóstico.

Palavras-chave: Biomarcadores Tumorais; Neoplasia da Mama; Trastuzumabe.

Financiamento: Próprio.



ÁREA DE INTERESSE: GENÉTICA, EVOLUÇÃO E MELHORAMENTO ANIMAL

FREQUÊNCIA DE DETECÇÃO DE PICOBIRNAVÍRUS EM FEZES DE FRANGO DE CORTE PROVENIENTES DE AVIÁRIOS COM DIFERENTES ÍNDICES ZOOTÉCNICOS DE PRODUTIVIDADE

Carolina Isabela Mucellini¹, Jessica Cristhine Gallego¹, Daniela Lorencena¹, Giulia Maria Casagrande¹, Elisabete Takiuchi¹

1. Departamento de Ciências Veterinárias, Universidade Federal do Paraná – Setor Palotina

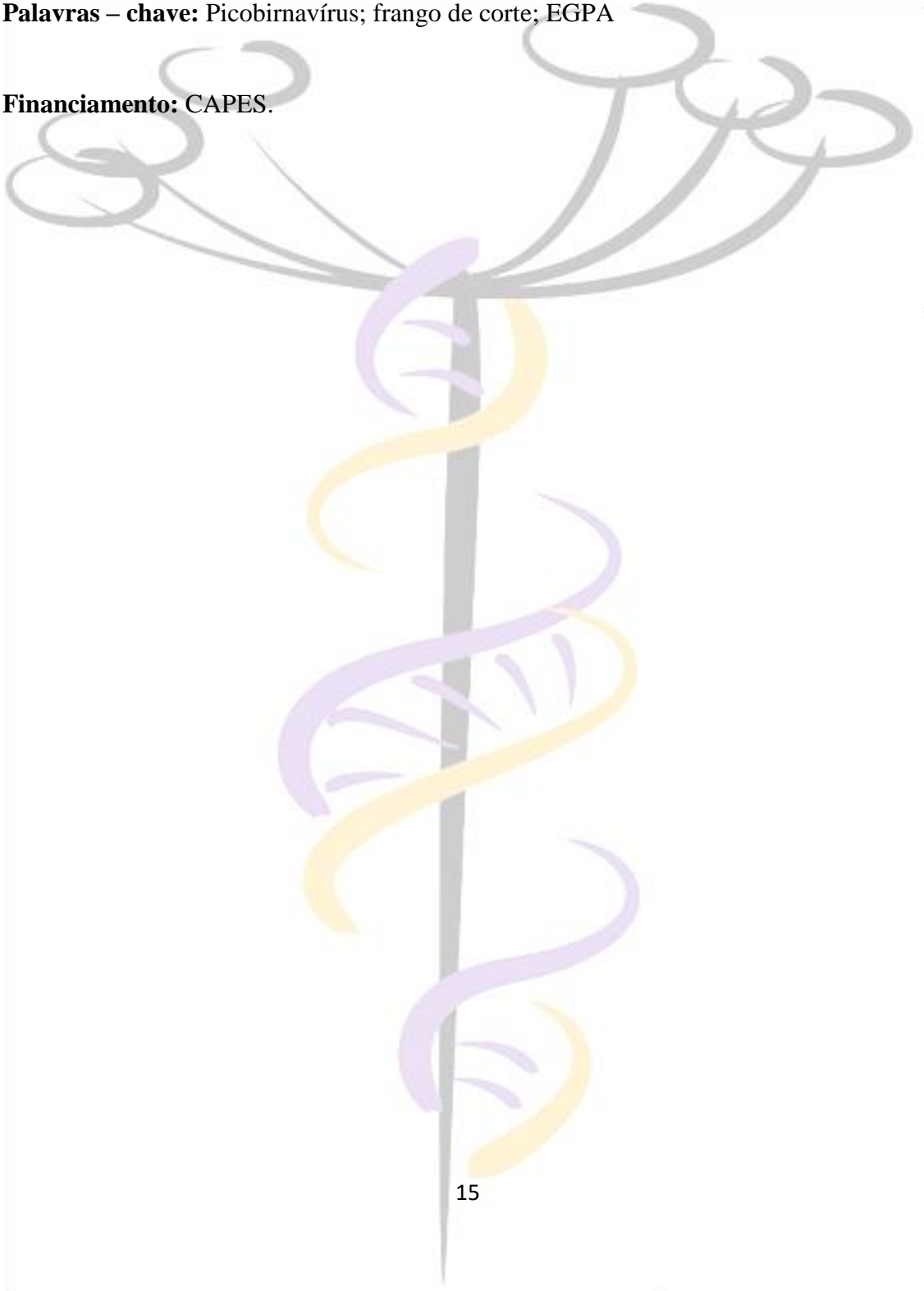
E-mail: carolinamucellini@gmail.com

Resumo: O picobirnavírus (PBV) é pertencente à família *Picobirnaviridae*, cuja nomenclatura está relacionada à estrutura: “pico” – pequeno e “birna” – RNA bissegmentado. Em frangos de corte, a excreção do PBV nas fezes é relatada tanto em animais diarreicos como em não diarreicos. Entretanto, são escassos os trabalhos que correlacionem a frequência de PBV com índices zootécnicos de produtividade. O índice de eficiência produtiva (IEP) é o principal indicador para mensurar o desempenho zootécnico de um lote de frangos de corte, que utiliza os parâmetros ganho de peso diário (kg), viabilidade (%) e conversão alimentar. O objetivo do trabalho foi comparar a ocorrência do PBV em pintainhos de granjas industriais do oeste do Paraná com diferentes IEP. Foram coletadas fezes de pintainhos refugos (7 a 14 dias) provenientes de 8 lotes aviários com classificação IEP bom (n=4) e IEP regular (n=4), totalizando 171 amostras. As amostras foram submetidas à extração de RNA pela associação dos métodos de fenol/clorofórmio e sílica/tiocianato de guanidina e em seguida à EGPA 7,5%. Das 171 amostras avaliadas, 9 (5,26%) revelaram-se positivas na EGPA. De acordo com o IEP apenas 1 (1/87) pertencia aos lotes com IEP bom enquanto 8 (8/84) pertenciam aos lotes com IEP regular. Estes resultados, embora preliminares, sugerem maior ocorrência do PBV em lotes com baixo desempenho de produtividade. Entretanto, para estimar a real prevalência de PBV nos lotes, será realizada a análise por

RT-PCR, método diagnóstico mais sensível quando comparado à EGPA. Considerando a relevância da avicultura industrial no estado do Paraná, a continuidade dos estudos se faz necessária para compreender a relação do PBV com o desempenho produtivo das aves.

Palavras – chave: Picobirnavírus; frango de corte; EGPA

Financiamento: CAPES.



ÁREA DE INTERESSE: GENÉTICA, EVOLUÇÃO E MOLHORAMENTO VEGETAL E MICRORGANISMOS

OTIMIZAÇÃO DA TÉCNICA DE CULTIVO DE FOLHAS DE SOJA DESTACADAS EM PLACA DE PETRI PARA MULTIPLICAÇÃO DO FUNGO

Phakopsorapachyrhizi.

Luan Vitor Alves de Lima¹, Larissa de Assis Carrets¹, Roberta de Paula Saturnino Costa¹, Bruna Martins Carvalho¹, Marielle Gabriel¹, Mayra Costa da Cruz Gallo de Carvalho¹

1. Universidade Estadual do Norte do Paraná – Campus Luiz Meneghel

E-mail: luan_vitorr@hotmail.com

Resumo: A Ferrugem Asiática da Soja (FAS) é uma das principais doenças que acometem a soja no Brasil, sendo ocasionada pelo fungo biotrófico obrigatório, *Phakopsorapachyrhizi*. O desenvolvimento completo do fungo depende do hospedeiro vivo de forma que a sua multiplicação em ambiente controlado envolve invariavelmente a inoculação de folhas de soja sadias mantidas em meio de cultivo em placa de petri ou em plantas sadias na casa de vegetação. Com o objetivo de impulsionar o desenvolvimento de isolados monospóricos do *Phakopsorapachyrhizi*, foram testadas diferentes condições de cultivo soja-fungo em placa de petri. Para tanto, utilizou-se a cultivar suscetível à FAS CD 219 RR. Folhas sadias destacadas de plantas em estágio V3 foram submetidas à diferentes lavagens pré-cultivo: (1) água destilada, (2) água destilada + ácido acético 2,5%, (3) água destilada + Tween ® 0,002%, (4) e água destilada + ácido acético 2,5% + Tween ® 0,002% (4). Após as lavagens, as folhas foram cultivadas em placas de Petri usando os meios: (A) ágar 1%, (B) ágar 1% + sacarose 10% + Penicilina 0,01 mg/ml, (C) ágar 1% + Penicilina 0,01 mg/ml. Cada folha foi inoculada com uma concentração de 1,85 esporos/ul. As placas foram armazenadas em condições controladas de iluminação e temperatura (aproximadamente 24 °C). Foram feitas avaliações diárias para analisar o desenvolvimento da FAS nas folhas bem como a sanidade do meio de cultivo. Em todos os meios usados foi possível

observar o crescimento do fungo *Aspergillus sp.* como contaminante, no entanto, o cultivo em meio ágar-penicilina resultou em redução visível da contaminação independentemente da pré-lavagem utilizada. Além disso, não houve diferença significativa para nenhum dos parâmetros avaliados quanto ao desenvolvimento da FAS, o que indica que o uso do antibiótico não reduz a capacidade de proliferação do fungo ao longo dos três ciclos avaliados.

Palavras-chave: FAS; *P. pachyrhizi*; cultivo

Financiamento: Fundação Araucária - Apoio ao Desenvolvimento Científico e Tecnológico do Estado do Paraná.

ÁREA DE INTERESSE: GENÉTICA E EVOLUÇÃO HUMANA

**PÊNFIGO FOLIÁCEO E A VIA DAS LECTINAS DO COMPLEMENTO:
EVIDÊNCIA DE ASSOCIAÇÃO COM *MASPI***

Izabelle Schermak Neves¹², Fabiana Andrade², Hellen Chris Weinschultz Mendes², Iara
Messias-Reason², Maria Luiza Petzl-Erler¹, Angelica B. W. Boldt¹²

1. Laboratório de Genética Molecular Humana, Departamento de Genética, Universidade Federal do Paraná, Curitiba, PR, Brasil.
2. Laboratório de Imunopatologia Molecular, Hospital de Clínicas, Universidade Federal do Paraná (UFPR), Curitiba, PR, Brasil.

Resumo: O Pênfigo Foliáceo (PF) é uma doença autoimune endêmica caracterizada pela formação de bolhas e descolamento da camada superficial da epiderme. A ativação da via das lectinas do sistema complemento parece ser corresponsável pela acantólise e apoptose dos queratinócitos. Esta é iniciada pela ligação da MBL (lectina ligante de manose), colectina 11 ou ficolinas, deflagrando a ativação de duas proteínas associadas: MASP-1 e MASP-2, ativando a reação inflamatória. O gene *MASPI* codifica a proteína MASP-1 além de MASP-3 e MAP44 pelo processamento alternativo do mRNA. Neste estudo, buscou-se avaliar a relação de possíveis polimorfismos reguladores de *MASPI* com a susceptibilidade e a proteção ao PF, através de amplificação multiplex com indicadores sequência-específicos (PCR-SSP), em 188 pacientes e 201 controles (doadores de sangue). Em 101 controles, foram mensurados os níveis de MASP-1, MASP-3 e MAP44 no soro, usando Trifma. Os polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs) avaliados encontram-se no intron 1 (*g.4099G>A* - rs7609662 e *g.4780C>T* - rs13064994), comum aos três mRNAs, e no exon 12 (*g.57882C>G* - rs72549262, *g.58208C>T* - rs1109452 e *g.6224G>A* - rs850314), exclusivo de da região não traduzida a 3', de MASP-3. A distribuição genotípica dos controles apresentou-se em equilíbrio de Hardy-Weinberg. Houve uma associação do haplótipo do exon 12 CCA com susceptibilidade ao PF, mesmo após correção para sexo, idade e grupo étnico

(OR=1,91, [IC 95%: 1,20-3,04] P=0,006). O haplótipo *CCA* também foi associado com níveis mais elevados de MASP-3 (P=0,0006), provavelmente devido à interrupção dos sítios de reconhecimento dos miRNAs *hs-miR-3181*, *hsa-mir-3944-3p* e *hsa-mir-2861*. Também houve associação de susceptibilidade à doença com os haplótipos *GC CCA* (OR=1,9 [IC95%: 1,2-3,03], P=0,005), *AC CCA* (OR=3,16 [IC95%: 1,40-7,16] P=0,005), *GC CCG* (OR=1,53 [IC95%:1,13-2,08] P=0,007), e de proteção com *GC GTG* (OR=0,42 [IC95%: 0,22-0,77], P=0,005), *GT CCG* (OR=0,33 [IC95%: 0,18-0,61] P=0,0002) e *AC CCG* (OR=0,25 [IC95%:0,11-0,54] P=0,0002). Logo, os polimorfismos de *MASPI* que conduzem a níveis mais elevados de MASP-3 podem aumentar a susceptibilidade ao PF. Estudos funcionais esclarecerão estas hipóteses e beneficiarão a terapêutica de pacientes com PF com o uso de reguladores de complemento adequados.

Palavras – chave: Pênfigo, *MASPI*, miRNA3181

Financiamento: Fundação Araucária, CAPES.

ÁREA DE INTERESSE: GENÉTICA, EVOLUÇÃO E MELHORAMENTO VEGETAL E MICRORGANISMO

VIPER: UM RETROTRANSPONON POTENCIALMENTE ATIVO EM
Trypanosoma cruzi

Danila Syriani Veluza^{1, 2}; Cyndia Mara Bezerra^{2, 3}; Marco Aurélio Krieger^{2, 3} e Adriana Ludwig^{2, 3}

¹ Curso de graduação em Ciências Biológicas, Universidade Federal do Paraná (UFPR)

² Laboratório de Genômica Funcional, Instituto Carlos Chagas (ICC)

³ Instituto de Biologia Molecular do Paraná (IBMP)

E-mail: danilaveluza@gmail.com; adriludwig@gmail.com

Resumo: A doença de Chagas, um problema social e econômico principalmente na América Latina, é causada pelo protozoário parasita *Trypanosoma cruzi* e transmitida por meio dos insetos barbeiros. O *T. cruzi* corresponde a uma espécie geneticamente heterogênea e o estudo de sua variabilidade genética pode ajudar no entendimento dos mecanismos de atuação e evolução da doença. Neste contexto, nosso trabalho visa o estudo de uma importante fonte de variabilidade genética, os elementos de transposição (TEs). Os TEs são segmentos de DNA capazes de se mover dentro do genoma usando como intermediário uma molécula de DNA (transposons) ou de RNA (retrotransposons). Especificamente, nosso projeto tem como objetivo estudar e caracterizar o elemento VIPER em *T. cruzi*, um retrotransposon do grupo DIRS, analisando sua estrutura e funcionalidade. Verificamos que o VIPER codifica três fases abertas de leitura (do inglês *Open Reading Frames* - ORFs): o produto da ORF 2 é uma tirosina recombinase, da ORF 3 uma proteína com os domínios transcriptase reversa e RNaseH, e a ORF 1 há indícios de que codifica uma proteína GAG-like. Por meio de análises *in silico*, encontramos alguns indícios de atividade do elemento como a presença de ESTs (do inglês *Expressed Sequence Tags*) na linhagem CL Brener e de peptídeos da ORF 2 em dados de espectrometria de massas. Também identificamos

aproximadamente 20 cópias potencialmente codificadoras de cada ORF no genoma da linhagem Dm28c formando pelo menos 5 cópias completas do elemento. Por meio de RT-PCR, também evidenciamos expressão de RNA das três ORFs nas formas epimastigotas do parasita. Para análise de expressão diferencial de VIPER, realizaremos PCR em tempo real em diferentes condições de cultivo e formas de vida do parasita. Com o objetivo de compreender como ocorre a transposição de VIPER, realizaremos análises de localização celular das três proteínas do elemento no parasita. Para isso clonamos as três ORFs separadamente em vetores de expressão de *T. cruzi* pTcGW e estamos transfectando em *T. cruzi* para posterior análise de microscopia e ensaios de Western Blot. Ao contrário do que alguns autores concluíram de que VIPER é um elemento inativo, identificamos algumas evidências de sua atividade e pretendemos, ao final do projeto, confirmar essa nossa hipótese e entender os mecanismos de sua mobilização. O estudo do VIPER pode fornecer informações importantes para o entendimento do surgimento e evolução dos TEs em geral e, principalmente, dos elementos do grupo DIRS que são pouco estudados e compreendidos.

Palavras – chave: *Trypanosoma cruzi*, Transposons, Elemento VIPER.

Financiamento: CNPq; Fiocruz.