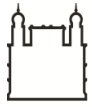




**VIII SEMANA DE
BIOCIÊNCIAS E
BIOTECNOLOGIA
EM SAÚDE**

ANAIS

RESUMOS CIENTÍFICOS



Ministério da Saúde

FIOCRUZ
Fundação Oswaldo Cruz

Instituto Aggeu Magalhães

FUNDAÇÃO OSWALDO CRUZ (FIOCRUZ)
INSTITUTO AGGEU MAGALHÃES (IAM)

ANAIS DA VIII SEMANA DE BIOCÊNCIAS E BIOTECNOLOGIA EM SAÚDE

Ciência a Serviço da Sociedade

23 a 27 de novembro de 2020

Plataforma virtual Zoom- Fiocruz-Pernambuco

RECIFE, 2023



Ministério da Saúde

FIOCRUZ
Fundação Oswaldo Cruz

Instituto Aggeu Magalhães

Catálogo na fonte: Biblioteca do Instituto Aggeu Magalhães

S471a Semana de Biociências e Biotecnologia em Saúde (7.: 2019: Recife).
 Anais: resumos científicos / VII Semana de Biociências e Biotecnologia
 em Saúde, 9 a 13 de dezembro de 2019, Recife. — Recife: Instituto Aggeu
 Magalhães, 2019.
 45 p.

ISBN 978-65-88180-10-5 (Online).

1. Biologia celular. 2. Microbiologia. 3. Parasitologia. 4. Imunologia. 5.
Entomologia. 6. Biologia molecular. 7. Genética. I. Título.

CDU 576



Ministério da Saúde

FIOCRUZ
Fundação Oswaldo Cruz

Instituto Aggeu Magalhães

VIII SEMANA DE BIOCIÊNCIAS E BIOTECNOLOGIA EM SAÚDE

Ciência a Serviço da Sociedade

Coordenação Geral do Evento

Michelle Barros

Comissão Científica e editorial dos Anais

Caroline Targino

Cícero Costa

Cleonilde Nascimento

Débora Miranda

Gabriel Faienstein

Janderson Lopes

Kamila Oliveira

Rafaela Martins

Romário Martins

Victor Vaitkevicius

Ressalva: Os textos apresentados são de criação original dos autores, que responderão individualmente por seus conteúdos ou por eventuais impugnações de direito por parte de terceiros.



SUMÁRIO

ABANDONO NO TRATAMENTO DA TUBERCULOSE EM UMA CIDADE DO NOROESTE DO RIO GRANDE DO SUL.....	6
ANÁLISE DOS CASOS CONFIRMADOS DE TUBERCULOSE POR MEIO DO TESTE RÁPIDO MOLECULAR PARA TUBERCULOSE (TRM-TB) NO BRASIL ENTRE 2015 E 2019.....	7
ANÁLISE FUNCIONAL E EXPRESSÃO DE NOVOS POTENCIAIS ALVOS DA MELATONINA PARA APLICAÇÃO TERAPÊUTICA COADJUVANTE DO ADENOCARCINOMA DE PULMÃO.....	8
ANÁLISE <i>IN SILICO</i> DA INTERAÇÃO DOS GENES ACE2 E TMPRSS2 NA SÍNDROME RESPIRATÓRIA AGUDA GRAVE CAUSADA PELO CORONAVIRUS 2 (SARS-COV-2).....	9
ANÁLISE <i>IN SILICO</i> DE MODIFICAÇÕES PÓS-TRADUCIONAIS DO FATOR DE TRADUÇÃO EIF4E3 DE <i>TRYPANOSOMA BRUCEI</i>	10
ANÁLISE <i>IN SILICO</i> DO PERFIL ADMET E DOCKING MOLECULAR DE DERIVADOS TIOQUINOXALINAS LIGADOS A 1,2,3-TRIAZÓIS SOBRE A CICLOXIGENASE-2....	11
ANÁLISE SISTEMÁTICA SOBRE INTOXICAÇÃO MEDICAMENTOSA NO BRASIL NO ANO DE 2016	12
APLICAÇÃO DE NANOFIBRAS ELETROFIADAS NA CAPTURA DE ANTICORPOS ANTI-ZIKV	13
CRIAÇÃO DE ALGORITMO DE INTELIGÊNCIA ARTIFICIAL A PARTIR DE POLIMORFISMOS GENÉTICOS PARA CLASSIFICAÇÃO DE FIBROSE HEPÁTICA	14
ESTUDO DO REPERTÓRIO DE FATORES DE VIRULÊNCIA DE ISOLADO CLÍNICO <i>AEROMONAS AUSTRALIENSIS</i> AER294	15
ESTUDO EXPLORATÓRIO DA MALÁRIA NO BRASIL: ASPECTOS EPIDEMIOLÓGICOS PREVALENTES EM ÁREAS QUE NÃO INTEGRAM A AMAZÔNIA LEGAL.....	16
miR-215-5p E miR-192-5p COMO POTENCIAIS INIBIDORES DE EXPRESSÃO DO GENE PAWR NO ADENOCARCINOMA DE PULMÃO: UMA ANÁLISE <i>IN SILICO</i>	17
OS EFEITOS TOXICOLÓGICOS DO ACETATO DE TÁLIO NO MODELO <i>CAENORHABDITIS ELEGANS</i>	18
SÍNTESE, OBTENÇÃO E TRIAGEM <i>IN SILICO</i> DE DERIVADOS NAFTOQUINÔNICO-TRIAZÓLICOS COMO POTENCIAIS INIBIDORES DAS PROTEASES DE SARS-CoV-2	19



Ministério da Saúde

FIOCRUZ
Fundação Oswaldo Cruz

Instituto Aggeu Magalhães

ABANDONO NO TRATAMENTO DA TUBERCULOSE EM UMA CIDADE DO NOROESTE DO RIO GRANDE DO SUL

Alana V. Hillebrand¹, Otávio M. Lorenzi¹, Aline dos Santos Peixoto²

¹Acadêmicos do 8º período de Biomedicina da Faculdade CNEC - Santo Ângelo/RS

²Docente do curso de Biomedicina da Faculdade CNEC - Santo Ângelo/RS

e-mail: aalanaHill@outlook.com

Introdução: A tuberculose (TB) é uma doença infecciosa ocasionada pelo *Mycobacterium tuberculosis*. Atualmente o abandono do tratamento (TTO) é considerado um problema para o controle da doença, uma vez que aumenta o risco de transmissão do bacilo e resistência aos medicamentos. **Objetivos:** Avaliar os fatores inerentes a negligência e abandono no tratamento da tuberculose. **Métodos:** Foi realizada uma busca na base de dados do SINAN (Sistema de Notificação de Agravos Nacional) avaliando o abandono no tratamento da TB, no período de 2015 a 2019 na cidade de Santo Ângelo – Rio Grande do Sul. **Resultados:** A população de estudo foi composta por 100 novos casos de tuberculose. Todos os pacientes iniciaram o tratamento e o desfecho do mesmo foi de 54 curas, 7 óbitos, 24 com informação ignorada/branco e 15 abandonos do TTO. A maior incidência de abandono foi do sexo masculino (n=11). Quanto à forma da doença, as recusas predominaram em pacientes portadores de tuberculose pulmonar (n=12) e apenas 3 na forma extrapulmonar. Do total de 100 pacientes, 18 foram positivos para o vírus HIV, destes 6 faziam uso de antirretroviral. A confirmação diagnóstica por testes laboratoriais foi realizada em 39 pacientes pelo exame do escarro e 5 pacientes pela cultura. Com relação ao teste rápido TB, 96 pacientes não realizaram, 1 obteve resultado inconclusivo e 3 sem informações. Apenas 1 paciente não realizou o teste de sensibilidade ao TTO e 99 apresentaram informação ignorada/branco. **Conclusão:** Os coeficientes associados as causas de negligência no tratamento da tuberculose podem estar ligados as dificuldades inerentes ao paciente quanto ao tratamento ou pela metodologia empregada pelo sistema único de saúde. Salientamos, que o abandono e reativações sucessivas do tratamento facilita o aparecimento de cepas resistentes do *M. tuberculosis*. Deve-se enfatizar as boas condutas por parte da equipe multiprofissional, afim de diminuir as taxas de abandono e a resistência aos medicamentos.

Palavras-chave: tuberculose; *Mycobacterium tuberculosis*; tuberculose pulmonar; tuberculose extrapulmonar e abandono do tratamento.



Ministério da Saúde

FIOCRUZ
Fundação Oswaldo Cruz

Instituto Aggeu Magalhães

ANÁLISE DOS CASOS CONFIRMADOS DE TUBERCULOSE POR MEIO DO TESTE RÁPIDO MOLECULAR PARA TUBERCULOSE (TRM-TB) NO BRASIL ENTRE 2015 E 2019

Eduarda Pereira Soares Dias¹; Ana Paula Junqueira-Kipnis²

^{1,2} Universidade Federal de Goiás

E-mail correspondente: eduardadias@discente.ufg.br

Introdução: A bactéria *Mycobacterium tuberculosis* é o agente etiológico da Tuberculose (TB) que afeta a vida de milhares de brasileiros anualmente. Por isso, testagens efetivas e rápidas para TB se tornam de extrema importância. O teste rápido molecular para TB (TRM-TB) é um desses, visto que utiliza a técnica de reação em cadeia da polimerase (PCR) para identificar a presença da bactéria e detectar ou não a resistência à rifampicina (indica se a cepa analisada é resistente). **Objetivo:** Analisar os dados de casos confirmados de TB no Brasil, entre 2015 e 2019, por meio do TRM-TB. **Métodos:** Foram coletados dados a partir da plataforma DATASUS, aplicando os termos "ano diagnóstico", "casos confirmados" e "teste rápido TB". O período de 2015 a 2019 foi analisado, assim como os cinco tipos de resultados possíveis (ignorado, sensível à rifampicina, resistente à rifampicina, não detectável, inconclusivo e não realizado). Também foi utilizado a correlação de Pearson para relacionar o número de casos confirmados de TB com a quantidade de TRM-TB realizado. **Resultados:** Foram confirmados 450.668 casos de TB entre 2015 e 2019 no Brasil, sendo 2019 o ano com maior número de casos (95.498). A incidência de casos no período analisado apresentou correlação positiva com o número de pessoas que foram submetidas ao TRM-TB ($r = 0,95$). Apesar do número de TRM-TB ser inferior ao número de diagnósticos realizados por meio de outros testes, houve um aumento no número de pessoas (10,4% entre 2015 e 2019) que utilizaram PCR para detectar a presença da bactéria. Foram identificados 4,1% de pacientes com cepas de *M. tuberculosis* resistentes à rifampicina. Essa identificação de sensibilidade permite que tratamentos adequados sejam tomados. **Conclusão:** Com o aumento do número de casos confirmados de TB e do uso de TRM-TB em detrimento a outros métodos para diagnóstico comumente realizados, medidas para aumentar a utilização do teste podem facilitar a identificação da doença e do tratamento adequado.

Palavras-chave: *Mycobacterium tuberculosis*; teste molecular; PCR.



Ministério da Saúde

FIOCRUZ
Fundação Oswaldo Cruz

Instituto Aggeu Magalhães

ANÁLISE FUNCIONAL E EXPRESSÃO DE NOVOS POTENCIAIS ALVOS DA MELATONINA PARA APLICAÇÃO TERAPÊUTICA COADJUVANTE DO ADENOCARCINOMA DE PULMÃO

Natalia Regina Melo Santos¹; André Silva Lira de Lucena²; Michelly Cristiny Pereira²

¹ Departamento de Biofísica da Universidade Federal de Pernambuco;

² Departamento de Fisiologia e Farmacologia da Universidade Federal de Pernambuco.
E-mail correspondente: natalia_rms103@hotmail.com

Introdução: O câncer de pulmão (CP), maior causador de mortes por câncer, é tema de constantes buscas a novos alvos terapêuticos. A melatonina, cuja principal função é a regulação dos ritmos circadianos. Além desta função, tem se mostrado um promissor antineoplásico. Esse hormônio já é utilizado na clínica como coadjuvante na quimioterapia. No adenocarcinoma, estudos clínicos mostram que a melatonina tem concentração diminuída, comparado ao controle saudável, o que demonstra seu potencial terapêutico para o controle da doença.

Objetivos: Realizar estudo funcional *in silico* de novos alvos terapêuticos com expressão alterada no Adenocarcinoma de Pulmão. **Métodos:** Coletamos dados de interação da melatonina e seus alvos de 14 bancos de dados e preditores de interação. Os dados de interações entre os genes foram baixados do banco de dados STRING. Usamos o Cytoscape e MCODE para construção das redes de interação. A ferramenta Gprofiler foi usada para a análise de enriquecimento de conjuntos de genes em vias KEGG e processos biológicos (Gene Ontology).

Dados de expressão de mRNAs foram obtidos do GDC Data Portal usando o TCGAbiolinks. Realizamos a análise de expressão diferencial utilizando o edgeR. **Resultados:** A princípio, 285 alvos únicos foram obtidos. Após identificação de 5 clusters de interações (com o MCODE) a partir de dados do STRING, vimos que os clusters 4 e 5 possuem genes associados a vias importantes em cancer. Então, buscou-se avaliar a expressão diferencial dos genes destes clusters. Usamos 513 amostras de adenocarcinoma de pulmão e 46 amostras normais. Verificamos como superexpressos ($\log_{2}FC > 1$ e $p < 0.001$) os genes PTK6, CDK4, PARP1, MMP13, MMP1, MMP3, MMP10, MMP7.

Conclusões: Identificamos genes super-expressos que são possíveis alvos da melatonina e estão associados a vias de sinalização importantes em vários tipos de câncer. Almejamos validar nossos achados ao conduzir experimentos *in vitro* com estas proteínas e a melatonina em linhagens de células de CP.

Palavras-chave: Melatonina; Câncer; Pulmão; Terapia



Ministério da Saúde

FIOCRUZ
Fundação Oswaldo Cruz

Instituto Aggeu Magalhães

ANÁLISE IN SÍLICO DA INTERAÇÃO DOS GENES ACE2 E TMPRSS2 NA SÍNDROME RESPIRATÓRIA AGUDA GRAVE CAUSADA PELO CORONAVIRUS 2 (SARS-COV-2)

Pedro V. da Silva¹, Manuela R. de Menezes², Ana Carolina L. Trindade², Vanessa G. Teixeira², Maria Eduarda A. Acioli³, Raul E. de Lima⁴

¹UNIBRA - Centro Universitário Brasileiro.

²Universidade de Pernambuco; ³Universidade Federal de Pernambuco

⁴Fundação Oswaldo Cruz. Instituto Aggeu Magalhães- Fiocruz/PE

E-mail: pedro_vinicios22@hotmail.com

Introdução: Causada pelo novo coronavírus (SARS-COV2), a síndrome respiratória aguda grave é uma doença de fácil disseminação, caracterizada como síndrome gripal, podendo progredir para casos mais graves. Os genes *ACE2* e *TMPRSS2* podem ser mediadores na entrada do vírus e resposta do paciente. **Objetivo:** O objetivo do presente trabalho é avaliar a interação dos genes *ACE2* e *TMPRSS2*, associando-os ao novo coronavírus. **Materiais e métodos:** para a análise de interação proteica e correlação entre níveis de expressão, utilizamos o STRING v.10.5, uma ferramenta que analisa e integra interações proteína-proteína associadas a outros bancos de dados. Primeiramente foi feito o desenho dos genes diferencialmente expressos (DEGs) no próprio site, para construir a rede de interação proteína-proteína (PPI) pelo software Cytoscape 3.6.1 e, em seguida, selecionamos os módulos da rede PPI através do algoritmo Molecular Complex Detection (MCODE) sob os parâmetros: cut-off = 0.2, máxima profundidade = 100 e k-core = 2. Para a análise de predição dos alvos dos genes *ACE2* e *TMPRSS2*, foi realizada através do miRNET v. 2.0. **Resultados:** Uma rede de interação proteica inicial foi gerada com o *input* “ACE2” e “TMPRSS2”, e adicionamos outras proteínas por predição, que poderiam estar atuando nas mesmas vias de ambas as proteínas. Na análise de co-expressão, o score médio foi de 0.089 em *H. sapiens*, e mostrou que essas proteínas co-expressam também em outros organismos. Obtivemos cerca de 29 microRNAs na rede miRNAs-mRNA, mostrando que dois deles (miR-27a-3p e miR-130a-3p) podem participar da mesma via de regulação dos genes **Conclusões:** As análises *in silico* proporcionam suporte à ideia de que os genes *ACE2* e *TMPRSS2* estão associados, interagindo entre si e com possíveis genes participantes da via do sistema renina-angiotensina, podendo influenciar na resposta e na susceptibilidade ao novo coronavírus. Assim como, sugerimos pesquisas acerca dos miR-27a-3p e miR-130a-3p.

Palavras-Chaves: Sars-Cov-2; *ACE2*, *TMRSS2*, bioinformática.



Ministério da Saúde

FIOCRUZ
Fundação Oswaldo Cruz

Instituto Aggeu Magalhães

ANÁLISE *IN SILICO* DE MODIFICAÇÕES PÓS-TRADUCIONAIS DO FATOR DE TRADUÇÃO EIF4E3 DE *TRYPANOSOMA BRUCEI*

João Lucas Arcanjo de Barros Ribeiro^{1,2}, Sara Maria Xavier da Cruz^{1,2}, Eduardo Henrique Matos Pires^{2,3}, Danielle Maria Nascimento Moura²

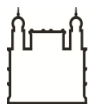
¹Universidade Federal de Pernambuco; ²Instituto Aggeu Magalhães-FIOCRUZ

³Universidade Rural de Pernambuco

E-mail: lucasbiomedufpe@hotmail.com

Introdução: A proteína EIF4E3, presente no *Trypanosoma brucei*, é um homólogo do fator de iniciação da tradução eucariótica eIF4E com importante função para síntese proteica e viabilidade celular. A regulação da expressão desses fatores de tradução em *T. brucei* não é bem descrita na literatura, podendo ser reguladas por modificações pós-traducionais como pela ubiquitinação, sumoilação e fosforilação. **Objetivos:** Submeter a proteína EIF4E3 de *T. brucei* às análises por algoritmo online de predição de sítios de ubiquitinação, sumoilação e fosforilação, identificando “hits” de resíduos mais prováveis de sofrerem as modificações pós-tradicionais. **Métodos:** A sequência de EIF4E3 foi obtida do banco de dados Tritypdb e submetida a plataformas online de predição CKSAAP_UbSite, SUMOplot e NetPhos 3.1. Os resíduos positivos gerados para modificações pós-traducionais foram listados e representados em um esquema da proteína gerado no ilustrador de sequências biológicas (IBS) versão 1.0. **Resultados:** A análise de modificações pós-tradicionais da proteína EIF4E3 identificou 7 resíduos de lisina prováveis de sofrerem ubiquitinação, 3 resíduos de lisina prováveis de sofrerem sumoilação e 13 sítios de possíveis de fosforilação. O resíduo K111 nas análises *in silico* foi positivo para ubiquitinação e sumoilação, indicando uma possível regulação por competição desse sítio de lisina. **Conclusões:** O fator de tradução EIF4E3 é indispensável para tradução do *T. brucei* e sua regulação por modificações pós-tradicionais, se confirmada *in vivo*, pode ser uma forma tanto de controle de níveis proteicos como de ativação de fatores proteicos para o início da tradução. A elucidação da regulação dos fatores proteicos envolvidos na tradução dos tripanossomatídeos pode sinalizar novos alvos terapêuticos, tendo em vista a importância desse processo para viabilidade celular.

Palavras-chaves: *T. brucei*, tradução, ubiquitinação, sumoilação, fosforilação



Ministério da Saúde

FIOCRUZ
Fundação Oswaldo Cruz

Instituto Aggeu Magalhães

ANÁLISE *IN SILICO* DO PERFIL ADMET E DOCKING MOLECULAR DE DERIVADOS TIOQUINOXALINAS LIGADOS A 1,2,3-TRIAZÓIS SOBRE A CICLOXIGENASE-2

Welson Vicente da Silva¹; Daniely Sampaio Arruda Tavares²; Pedro Henrique do Nascimento³; Vanderlan Nogueira Holanda¹; Regina Celia Bressan Queiroz de Figueiredo¹

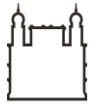
¹Instituto Aggeu Magalhães – IAM ; ²Universidade Regional do Cariri – URCA;

³Centro Acadêmico de Vitória de Santo Antão -UFPE

E-mail correspondente: welson1535@hotmail.com

Introdução: A busca por moléculas que possuam simultaneamente atividade anti-inflamatória e antimicrobiana têm sido foco de diversos estudos na área de química medicinal. Dessa forma, a estratégia de unir grupos moleculares através da *click chemistry* tem sido ferramenta útil para o desenvolvimento de novas moléculas híbridas com essas atividades. Dentre estes grupos, os 1,2,3-triazóis e tioquinoxalinas tem se mostrado promissores na construção de novos compostos bioativos híbridos por possuírem atividade anti-inflamatória e antibacteriana. **Objetivos:** Avaliar parâmetros ADMET *in silico* de dois compostos derivados de tioquinoxalinas ligados a 1,2,3-triazóis (TZ15 e TZ17) e confrontar, através do docking molecular, a molécula mais promissora com a proteína cicloxigenase-2 (COX-2), a enzima chave da resposta inflamatória. **Métodos:** Foram utilizados o SwissADME e pkCSM para análises *in silico*. Para o docking molecular usamos a cicloxigenase-2 depositada no *protein data bank* (PDB: 5W58) e o programa AutoDock 4.2. **Resultados:** A análise ADME mostrou que ambos derivados TZ15 e TZ17 selecionados para este estudo, não violaram as regras de Lipinski, que sugere alto potencial para formulações de uso oral. A análise toxicológica *in silico* revelou que somente o derivado TZ15 apresentou potencial para inibir o gene hERG II, associado ao desenvolvimento de arritmia cardíaca. O complexo COX-2-TZ17 obtido pela ancoragem molecular apresentou energia de ligação de -8.06 kcal/mol e constante de inibição de 1,23 µM. **Conclusões:** As análises preditivas dos derivados TZ15 e TZ17 mostraram boas propriedades farmacocinéticas, físico-químicas e apenas a molécula TZ15, que possui um cloro ligado ao fenil, mostrou potencial tóxico quando comparada ao TZ17 que possui uma metila ligada ao fenil. O composto TZ17 apresentou potencial para inibir a COX-2, enzima-alvo de fármacos anti-inflamatórios. Estes resultados sugerem estudos mais aprofundados *in vitro* do composto TZ17 sobre alvos da inflamação.

Palavras-chaves: Química Medicinal; *Click chemistry*; Inflamação; 1,2,3-triazóis.



Ministério da Saúde

FIOCRUZ
Fundação Oswaldo Cruz

Instituto Aggeu Magalhães

ANÁLISE SISTEMÁTICA SOBRE INTOXICAÇÃO MEDICAMENTOSA NO BRASIL NO ANO DE 2016

Gabriella de Aguiar Souza¹, Bruna Kristyer Lima de Paula², Larissa Maria Barreto de Medeiros Trigueiros²

Centro Universitário Maurício de Nassau (UNINASSAU), Paulista, PE, Brasil.
E-mail: gabbsaguiar31@gmail.com

Introdução: Intoxicação medicamentosa consiste em uma variedade de sinais e sintomas produzidos quando um medicamento é administrado em dose acima da terapêutica. Cada droga apresenta um quadro de sinais e sintomas específico, incluindo sua toxicocinética. No Brasil, a incidência de intoxicação medicamentosa é decorrente da frágil política de controle sob os medicamentos. O presente trabalho trata-se de uma análise dos casos de intoxicação medicamentosa no Brasil no ano de 2016. **Objetivos:** Identificar as áreas de maior incidência de casos de indivíduos acometidos pela intoxicação. **Métodos:** Realizou-se coleta dos dados disponibilizadas pelo Sistema Nacional de Informações Tóxico-Farmacológica (SINITOX), vinculado a Fundação Oswaldo Cruz e o Ministério da Saúde. Foi analisado o ano de 2016, com as seguintes variáveis: faixa etária e unidade federada. **Resultados:** Durante o período analisado foi registrado o total de 32.311 casos de intoxicação medicamentosa no Brasil, sendo 57.97% das unidades federadas da região sudeste, 31.39% da região sul, 7.61% da região nordeste e 3.03% da região centro-Oeste. Na região norte não houve registro de casos nas unidades federadas. As faixas etárias mais acometidas são de 01 a 04 anos (25.4%) e 20 a 29 anos (12.31%). O número total de óbitos registrados foi de 50 mortes. Das regiões com os maiores números de casos, as unidades federadas com maior incidência está São Paulo com 34.58% dos casos da região Sudeste e Porto Alegre com 20.73% dos casos da região Sul. **Conclusão:** Conclui-se que a maior incidência de envenenamento medicamentoso ocorre nas regiões Sul e Sudeste. Sendo assim, se faz necessário o aumento do monitoramento e assistência farmacêutica nesses locais e que os profissionais de saúde, dando ênfase aos médicos e farmacêuticos, elaborem uma estratégia de desenvolvimento que visem a redução do número de intoxicação medicamentosa, que ocorre em consequência da automedicação populacional.

Palavras-chave: Intoxicação Medicamentos. SINITOX. Casos.



Ministério da Saúde

FIOCRUZ
Fundação Oswaldo Cruz

Instituto Aggeu Magalhães

APLICAÇÃO DE NANOFIBRAS ELETROFIADAS NA CAPTURA DE ANTICORPOS ANTI-ZIKV

Danilo da Mata Silva¹; Isaac Aaron Morales Frías¹; César Augusto Souza de Andrade¹

¹Universidade Federal de Pernambuco, Centro de Biociências, Laboratório de Biodispositivos Nanoestruturados
E-mail: danilusdamata@gmail.com

INTRODUÇÃO: A infecção pelo vírus Zika (ZIKV), anteriormente descrita como uma doença febril sem graves complicações, ganhou repercussão ao ser ligada à microcefalia e à Síndrome de Guillain Barré. Visto que as manifestações clínicas são inespecíficas, o diagnóstico do ZIKV torna-se um desafio. Uma vez que o diagnóstico usual exige um alto investimento, alternativas que apresentem eficácia e baixo custo no diagnóstico diferencial do ZIKV tornam-se necessárias. Assim, neste trabalho utilizamos o método de eletrofiação para obter nanofibras com alta capacidade de captura de anticorpos. Além da sua estrutura fibrosa e grande área superficial, sua possibilidade de funcionalização oferece a possibilidade de desenvolver novos dispositivos para diagnóstico. **OBJETIVOS:** Utilizar nanofibras obtidas pelo método de eletrofiação para imobilização de anticorpos anti-ZIKV. **MÉTODOS:** Distintas soluções foram preparadas para a formação de uma blenda polimérica que permitisse sua posterior reticulação e funcionalização. O sistema de eletrofiação foi composto por uma fonte de alta tensão, uma placa metálica coletora e uma seringa com uma agulha de ponta plana, acoplada numa bomba de infusão. Após serem reticuladas, as nanofibras foram selecionadas e funcionalizadas com a proteína NS1 que serviu como alvo para captura. **RESULTADOS:** As nanofibras funcionalizadas com a proteína NS1 apresentaram capacidade para imobilizar covalentemente anticorpos específicos para o ZIKV. O monitoramento de captura foi medido através da espectroscopia de fluorescência. As análises demonstraram resultados acerca da proteína imobilizada, o lavado da membrana e a posterior extração do anticorpo. **CONCLUSÕES:** Foi demonstrado que a técnica de eletrofiação permite a obtenção de nanofibras com propriedades eficazes na captura de biomoléculas. As nanofibras obtidas foram adequadas nos processos de reticulação e funcionalização com a proteína NS1, o que permitiu a posterior captura do seu anticorpo específico.

Palavras-chave: Eletrofiação, Anticorpos, Nanotecnologia



Ministério da Saúde

FIOCRUZ
Fundação Oswaldo Cruz

Instituto Aggeu Magalhães

CRIAÇÃO DE ALGORITMO DE INTELIGÊNCIA ARTIFICIAL A PARTIR DE POLIMORFISMOS GENÉTICOS PARA CLASSIFICAÇÃO DE FIBROSE HEPÁTICA

João Arthur B. Oliveira¹; Paulo Salgado G. M. Neto²; Luydson R. S. Vasconcelos³; Raul Emídio de Lima³

¹Centro Universitário Brasileiro – UNIBRA/ Recife

²Universidade Federal de Pernambuco – UFPE/

³Fundação Oswaldo Cruz, Instituto Aggeu Magalhães – IAM/FIOCRUZ-PE

E-mail: s.goeng2014@gmail.com

Introdução: A fibrose hepática é a resposta cicatricial mediante lesões ao fígado humano. Ao longo do tempo, conforme o órgão sofra ainda mais agressões, esta resposta cicatricial pode evoluir para quadros como a cirrose ou o carcinoma hepatocelular (HCC), e assim, resultar em deficiência da função hepática. A evolução da fibrose pode ocorrer em resposta a fatores externos, como o consumo excessivo de álcool e infecções virais, no entanto, sabe-se que fatores internos como a genética do hospedeiro também podem modular tal evento.

Objetivo: Criar um classificador com base em inteligência artificial a partir de polimorfismos genéticos para formas graves de fibrose hepática. **Métodos:** Foi utilizada uma base de dados com informações de 298 pacientes com variados níveis de fibrose hepática, assim como, a discriminação alélica para 10 pontos de variação polimórfica do tipo SNP. Para a criação e predição, utilizamos modelos preditivos pré-estabelecidos adaptados de aprendizagem de máquina, como Random Forests e Support Vector Machine. Foram analisados os parâmetros de acurácia e curva ROC para validação do classificador. O trabalho foi realizado mediante aprovação em comitê de ética (CAAE: 02755212.2.0000.5207) **Resultados:** Foram testadas várias combinações possíveis de dados, ao comparar HCC vs Cirrose obtivemos os valores de 0.77 tanto para acurácia quanto para AUC/ROC, com 0.83 de precisão, ao passo que quando comparado Fibrose grave vs Fibrose leve encontramos 0.74 para acurácia e 0.72 para AUC/ROC, com 0.73 de precisão. Foram apontados como melhores descritores os SNP's rs1840689 e rs2305619 do gene *PTX3*, assim como, a variação C463T no gene *MPO*. **Conclusão:** Apesar dos experimentos não possuírem alta acurácia, alguns deles apresentam-se bem promissores, como é o caso do HCC vs Cirrose. O que abre portas para futuras implementações que envolvam técnicas como o SMOTE, tendo em vista criar ocorrências sintéticas de indivíduos cancerígenos.

Palavras-Chaves: Fibrose Hepática; Fígado; Polimorfismos e Classificador.



Ministério da Saúde

FIOCRUZ
Fundação Oswaldo Cruz

Instituto Aggeu Magalhães

ESTUDO DO REPERTÓRIO DE FATORES DE VIRULÊNCIA DE ISOLADO CLÍNICO *AEROMONAS AUSTRALIENSIS* AER294

José Carlos da Rocha Neto¹; Beatriz Souza Toscano de Melo¹; Nilma Cintra Leal¹; Danilo Elias Xavier¹

¹ Departamento de Microbiologia - Instituto Aggeu Magalhães - FIOCRUZ
email correspondente: josecarlos.rocha.neto@gmail.com

Introdução: *Aeromonas australiensis* é uma das mais recentes espécies descritas do gênero que abriga BGNs de habitat aquático, frequentemente isolado do ambiente, colonizando animais, inclusive o homem, de infecções oportunistas como gastroenterites e até infecções sistêmicas. A virulência de *Aeromonas* spp. é complexa, multifatorial e está relacionada aos componentes estruturais; produção de toxinas e com os sistemas de secreção. **Objetivos:** Comparar o repertório de fatores de virulência (FVs) de *A. australiensis* com outras espécies do gênero *Aeromonas*. **Métodos:** O isolado clínico *A. australiensis* Aer294 teve o genoma sequenciado, seus FVs identificados *in silico* pelo VFAnalyzer (VFDB) e comparados com CECT8023 e mais 18 genomas representativos das espécies do gênero depositados no GenBank (NCBI). **Resultados:** Um total de 26 FVs foram identificados nos genomas incluídos e todos compartilhavam *pili* MSH e TAP, flagelo polar, sistema de secreção T2SS e hemolisinas. A distribuição dos FVs entre as cepas de *A. australiensis* se demonstrou heterogênea com 19 FVs identificados na cepa Aer294 e 12 na cepa CECT8023. O sistema de secreção T6SS (100%) e T3SS (41%), flagelo lateral (70%) e *pili* FLP (41%) foram identificados em Aer294 e também apresentaram-se bem distribuídos nas cepas virulentas, seguindo por LOS/LPS (17%) e O-antígeno (11%) que estiveram presentes no genoma da Aer294 e não eram prevalentes nas cepas virulentas. A aerolisina (76%), cápsula (64%), sideróforos (47%), LPS O-antígeno (11%), sistema de glicosilação (5%) eram comuns as duas cepas de *A. australiensis* sendo a nitrato redutase e exopolissacarídeo presente exclusivamente nos genomas das espécies *A. australiensis*. **Conclusão:** O isolado clínico Aer294 apresentou um repertório de FVs qualitativamente semelhante aos do gênero, porém, numericamente maior quando comparada com todas as cepas de *Aeromonas* spp. estudadas e com a representante da espécie CECT8023, sugerindo uma nova cepa com potencial hipervirulento.

Palavras-chave: *Aeromonas australiensis*, genomas, fatores de virulência.



Ministério da Saúde

FIOCRUZ
Fundação Oswaldo Cruz

Instituto Aggeu Magalhães

ESTUDO EXPLORATÓRIO DA MALÁRIA NO BRASIL: ASPECTOS EPIDEMIOLÓGICOS PREVALENTES EM ÁREAS QUE NÃO INTEGRAM A AMAZÔNIA LEGAL

Bruna Kristyer Lima de Paula¹, Gabriella de Aguiar Souza², Larissa Maria Barreto de Medeiros Trigueiros²

*Centro Universitário Maurício de Nassau (UNINASSAU), Paulista, PE, Brasil.
brunakristyer@gmail.com*

Introdução: A malária é uma doença infectocontagiosa cujo agente etiológico é um protozoário do gênero *Plasmodium*, sua transmissão ocorre principalmente através da picada do mosquito fêmea infectado do gênero *Anopheles*, entretanto também pode decorrer de transfusão de sanguínea e de forma congênita. No Brasil, três espécies são associadas a malária em humanos: *P. malariae*, *P. vivax* e *P. falciparum*. A doença ocorre em áreas tropicais e subtropicais do mundo, tornando-se uma problemática de escala global. O presente trabalho trata-se de uma análise dos casos da Malária no Brasil, em áreas que não abrangem a Amazônia Legal. **Objetivos:** Traçar o perfil de infectados que estão fora da região de maior incidência de casos. Métodos: Realizou-se uma coleta dos dados disponibilizadas pelo Sistema de Informações de Agravos de Notificações (SINAN), vinculado ao Ministério da Saúde. Foram analisados os anos de 2018 e 2019, com as seguintes variáveis: sexo, faixa etária, região de notificação, UF de notificação, etnia e resultado parasitológico. **Resultados:** Durante o período analisado foram registrados o total de 1.222 casos, sendo 72.01% do gênero masculino e 27.98% do feminino. A faixa etária mais acometida foi de 20 a 39 anos (44.92%). A maior incidência de notificações por região, aconteceu na Sudeste (50.81%) e no Nordeste (20.78%). Quanto a UF, Espírito Santo esteve em 1.º lugar em 2018 (21.7%) e São Paulo obteve o maior destaque em 2019 (21.25%). Pardos tiveram maior evidência em ambos os anos (45%). Ademais, os resultados parasitológicos mostraram que as espécies mais recorrentes foram: *P. vivax* (62.84%) e *P. falciparum* (26.75%). **Conclusão:** Mostrou-se que a malária também está consideravelmente presente em áreas que não envolve a Amazônia Legal. Assim, se faz necessário uma melhor vigilância epidemiológica da doença em conjuntura a uma estratégia de desenvolvimento de ações para promoção e prevenção a saúde, com a finalidade de reduzir o número de casos dessa enfermidade.

Palavras-chave: Malária. Casos. Epidemiologia. SINAN.



Ministério da Saúde

FIOCRUZ
Fundação Oswaldo Cruz

Instituto Aggeu Magalhães

miR-215-5p E miR-192-5p COMO POTENCIAIS INIBIDORES DE EXPRESSÃO DO GENE PAWR NO ADENOCARCINOMA DE PULMÃO: UMA ANÁLISE *IN SILICO*

André Silva Lira de Lucena¹; Natalia Regina Melo Santos¹;
Michelly Cristiny Pereira ¹

¹ Universidade Federal de Pernambuco
E-mail correspondente: andreslucena@gmail.com

Introdução: O câncer de pulmão (CP) é o maior causador de óbitos por câncer e possui uma diversidade histológica que reflete o envolvimento de vários genes. Alguns já muito estudados no CP, e hoje utilizados como biomarcadores. O gene pró-apoptótico PAWR tem sido avaliado como potencial biomarcador em diversos tipos tumorais pois atua como supressor tumoral, e sua expressão reduzida está associada à indução ou progressão tumoral e pode ser causada pela inibição (impedimento da tradução ou depleção dos níveis do mRNA alvo) exercida por microRNAs, que são pequenas sequências de RNA não codificantes. Porém, o contexto de regulação destes é complexo, pois um gene pode ser regulado por diversos miRNAs e um miRNA pode regular vários genes. **Objetivos:** Realizar predição *in silico* de miRNA reguladores de PAWR em amostras de Adenocarcinoma de Pulmão. **Métodos:** Coletamos dados de interação miRNA-mRNA dos bancos TarBase e miRTarBase. Dados de expressão dos RNAs foram obtidos do GDC Data Portal usando o TCGA Biolinks. Realizamos a análise de expressão diferencial utilizando o edgeR. Os Softwares GSEA e EnrichmentMap (plug-in do CytoScape) foram usados para a análise de enriquecimento de conjuntos de genes. **Resultados:** Usamos 513 amostras de adenocarcinoma de pulmão e 46 amostras normais (de mRNA e miRNA). Verificamos 3 miRNA superexpressos ($\log_{2}FC > 2$) com PAWR como alvo. Não foi demonstrado alteração na expressão do mRNA de PAWR mas sua tradução proteica ainda pode ser inibida por miRNAs, o que necessita de avaliação experimental. O EnrichmentMap com as funções hiper-representadas entre os genes diferencialmente expressos, evidenciou que 2 miRNAs possuíam alguns alvos associados a funções comuns ao PAWR. **Conclusões:** Encontramos miRNAs super-expressos que potencialmente interagem com PAWR e também possuem alvos em um processo biológico importante do PAWR. No entanto, necessitamos realizar experimentos *in vitro* para confirmar uma relação de silenciamento entre os miRNAs e PAWR.

Palavras-chave: PAWR; Câncer; Pulmão; microRNA e Apoptose



Ministério da Saúde

FIOCRUZ
Fundação Oswaldo Cruz

Instituto Aggeu Magalhães

OS EFEITOS TOXICOLÓGICOS DO ACETATO DE TÁLIO NO MODELO *CAENORHABDITIS ELEGANS*

Lucas Aleixo¹, Amanda Onduras², Alexandre Varão², Larissa Pereira², Suellen Casado², Davi Ribeiro², Priscila Gubert¹⁻²

¹Grupo de Pesquisa Pernambucano de *Caenorhabditis elegans*, ²Laboratório de imunopatologia Keizo Asami, Recife/PE, Brasil; ³Universidade Federal do Oeste da Bahia, Barreiras, Brasil; ⁴Universidade São Francisco, Bragança Paulista, SP, Brasil
E-mail: lucas.aleixo@ufpe.br

O tálio é um metal raro utilizado na indústria de eletrônicos. Este estudo avaliou os efeitos tóxicos do acetato de tálio no modelo *Caenorhabditis elegans* (*C. elegans*). Os vermes das cepas TJ356 e CF1553 foram sincronizados para obtenção de animais no mesmo estágio larval (L1) e expostos a 220 μ M de acetato de tálio por 1 h. Após o tratamento, parte dos animais foram observados ao microscópio de fluorescência e outra parte, deixados crescer até o estágio larval L4 (44 h após o tratamento). Cortes ópticos da cepa CF1553, que expressavam a enzima superóxido dismutase 3 (SOD-3) foram processados e suas áreas de expressão quantificadas. Já os vermes da cepa TJ356, expressando o fator de transcrição DAF-16, foram classificados quanto a sua localização: citosólico, intermediário e nuclear. Os vermes no estágio larval L1 da TJ356 que haviam sido expostos ao acetato de tálio apresentaram uma localização significativa no núcleo (49%, $p < 0,0001$) se comparados ao controle (0,8%). Tanto os vermes expostos ao tálio quanto os controle apresentaram apenas DAF-16 no citosol, quando em L4. Portanto, a exposição ao acetato de tálio induziu a translocação da DAF-16 ao núcleo, no qual atua como ativador da expressão de enzimas antioxidantes. A expressão da SOD-3 foi avaliada em ambos estágios larvais, porém só observamos um aumento significativo nos vermes expostos no estágio larval L4 (177%, $p < 0,001$, comparado ao grupo controle). Tal fato relaciona-se com o tempo entre a transcrição até tradução enzimática, fazendo com que sua presença só pudesse ser observada nos estágios larvais posteriores. Houve assim, uma ativação da resposta antioxidante do *C. elegans* em decorrência da toxicidade gerada pelo acetato de tálio, corroborando com resultados prévios já que a concentração usada no estudo corresponde à concentração letal média (CL_{50}). Por fim, o atraso na ativação de uma resposta antioxidante eficiente pode justificar os efeitos tóxicos causados pelo acetato de tálio no *C. elegans*.

Palavras-chave: Acetato de tálio, *C. elegans* e antioxidantes.

SÍNTESE, OBTENÇÃO E TRIAGEM *IN SILICO* DE DERIVADOS NAFTOQUINÔNICO-TRIAZÓLICOS COMO POTENCIAIS INIBIDORES DAS PROTEASES DE SARS-CoV-2

Pedro Henrique do Nascimento³; Welson Vicente da Silva¹; Vanderlan Nogueira Holanda^{1,2}; Regina Célia Bressan Queiroz de Figueiredo¹

¹Instituto Aggeu Magalhães – Fiocruz/PE - Recife; Pernambuco;

²Universidade Federal de Pernambuco - Recife; Pernambuco;

³Universidade Federal de Pernambuco – Centro Acadêmico de Vitória - PE

Introdução: O novo coronavírus SARS-CoV-2 surgiu como uma grave ameaça à saúde pública e às economias globais. A COVID-19, doença causada por este vírus, é altamente contagiosa e levou a uma pandemia contínua. O SARS-CoV-2 afeta, principalmente, o sistema respiratório, levando à morte. Atualmente, não existe nenhuma terapia direcionada e, sendo assim, tornou-se uma necessidade estudar novas moléculas e alvos terapêuticos. Dessa forma, destacamos as Naftoquinonas e os 1,2,3-triazóis como substâncias promissoras no desenvolvimento de fármacos contra o novo coronavírus, devido às potenciais propriedades antivirais já relatadas. **Objetivos:** Investigar o comportamento molecular frente às proteases de Sars-CoV-2, propriedades farmacológicas e citotoxicidade de derivados Naftoquinônico-triazólicos. **Métodos:** Os derivados foram obtidos através da *Microwave focused synthesis*. A citotoxicidade foi avaliada em células de mamíferos, através do teste de MTT. Para avaliar o perfil ADMET dos derivados, foram realizadas análises preditivas *in silico*, a partir das plataformas SwissADME e SwissTargetPrediction. As avaliações de docking e modelagem molecular foram realizadas nos softwares Autodock 4.0 e Discovery Studio 2019, utilizando como alvo a protease TMPRSS2. **Resultados:** Através da síntese, foram obtidos os compostos NFT₁₉ e SRV₅₄ com bons rendimentos. Os ensaios de viabilidade celular exibiram valores de CC₅₀ de 99,1 µg/mL para Macrófagos J774 e 12,4 µg/mL para Fibroblastos F1072. As análises computacionais demonstraram que os compostos induzem baixa toxicidade sistêmica, possuem boa biodisponibilidade e alta absorção pelo sistema gastrointestinal, além de apresentarem probabilidades de inibir a ação da TMPRSS2 e ACE-2, o que resulta na redução da infecção do vírus. **Conclusões:** A partir dos dados exibidos, sugerimos a continuidade na investigação dos derivados apresentados, com a avaliação em estudos de inibição enzimática e ensaios antivirais.

Palavras-chave: SARS-CoV-2; Química medicinal; Citotoxicidade.



VIII SEMANA DE BIOCIÊNCIAS E BIOTECNOLOGIA EM SAÚDE

Organização:



Ministério da Saúde

FIOCRUZ
Fundação Oswaldo Cruz

Instituto Aggeu Magalhães