



SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA XXVIII SIC

paz no plural



| | |
|-------------------|--|
| Evento | Salão UFRGS 2016: SIC - XXVIII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS |
| Ano | 2016 |
| Local | Campus do Vale - UFRGS |
| Título | Estudo de DNA em solução por espalhamento de raios X a baixos ângulos (SAXS) |
| Autor | BERNARDO JUCHEM BECKER |
| Orientador | CILAINE VERONICA TEIXEIRA |

Estudo de DNA em solução por espalhamento de raios X a baixos ângulos (SAXS)

Autor: Bernardo Juchem Becker

Orientadora: Cilãine Verônica Teixeira

Instituto de Física – UFRGS

A vacinação é o modo mais adequado para evitar os transtornos causados por doenças infecciosas. O surgimento de novas doenças e de novos vírus promove um constante interesse na produção de vacinas que tenham, ao mesmo tempo, grande eficácia e efeitos colaterais mínimos ou preferencialmente inexistentes. Na década de 50 iniciaram-se os primeiros estudos sobre vacinas de DNA.¹ Porém, há apenas algumas décadas surgiram os primeiros trabalhos que mostravam sua eficiência.^{2,3} Desde então, o interesse científico a respeito das vacinas de DNA vem crescendo. Vários fatores são importantes para o êxito da vacina. Além da capacidade de imunização, a estrutura usada para o transporte do DNA deve ser estável até o momento em que este deve ser liberado no organismo, e não pode ser tóxica.

Este trabalho é a parte inicial de um projeto que estuda estruturas que podem ser utilizadas para a confecção de vacinas, com o objetivo de produzir e caracterizar agregados formados por DNA com surfactantes. Inicialmente estamos caracterizando a estrutura formada por DNA de salmão puro em solução aquosa não salina por espalhamento de raios X a baixos ângulos (SAXS). Seguindo o protocolo utilizado por Castelletto e colaboradores,⁴ a solução foi sonicada para a obtenção de fragmentos de DNA para o estudo por SAXS. Obtivemos fragmentos entre 100 e 700 pares de base, o que corresponde a comprimentos de 340 a 2380 Å. As curvas foram tratadas e estão sendo analisadas inicialmente pelo método de Transformada Indireta de Fourier (ITP), desenvolvido por O. Glatter,⁵ o qual não depende de um modelo prévio. Para tal, podemos considerar os fragmentos como sendo cilindros infinitos em solução, condição essa que é satisfeita com os comprimentos obtidos (no caso de DNA, esta condição é satisfeita para comprimentos acima de 270 Å). Este método fornece informações gerais sobre o tamanho da seção transversal dos fragmentos dispersos em solução, que serão utilizadas para a modelagem das curvas aplicando um modelo que fornece com precisão a distribuição de densidade eletrônica das partículas. Será utilizado inicialmente o modelo de cilindros infinitos. Conhecendo a estrutura do DNA em solução em função de sua concentração, o próximo passo será a preparação de agregados de surfactantes contendo DNA e a caracterização dos agregados formados através da análise da estrutura das partículas.

¹ Stansney, J., Cantarow, A., Paschkis, K.E., *Cancer Res.*, 10, 775-782, 1950.

² Shedlock, D.J., Weiner, D.B., *J. Leukocyte Biol.*, 68, 793-806.

³ Kano, F.S., Vidotto, O., Vidotto, M.C., *Semina: Ciências Agrárias*, 28, 709-726, 2007.

⁴ Castelletto, V., Itri, R., Amaral, L.Q., Spada, G.P., *Macromol.* 28, 8395-8400, 1995.

⁵ Glatter, O., *J. Appl. Crystallogr.*, 10, 415-421, 1977.