

SALÃO DE
INICIAÇÃO CIENTÍFICA
XXIX SIC
**UFRGS**
PROPESQ



múltipla 
UNIVERSIDADE
inovadora  inspiradora

Evento	Salão UFRGS 2017: SIC - XXIX SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2017
Local	Campus do Vale
Título	Análise da expressão de microRNA em indivíduos com TEA e em modelo animal: da etiologia ao diagnóstico
Autor	EDUARDO GEYER ARRUSSUL WINKLER DOS SANTOS
Orientador	CARMEM JURACY SILVEIRA GOTTFRIED

Análise da expressão de microRNA em indivíduos com TEA e em modelo animal: da etiologia ao diagnóstico.

Eduardo Geyer-Santos^{1, 2, 3}, Mauro Mozael Hirsch^{1, 3}, Gabriela Z. Staevie^{1, 3}, Victorio Bambini-Junior^{1, 4}, Rogério Margis⁵, Rudimar Riesgo^{1, 2}, Carmem Gottfried^{1, 3}

1. Grupo de Estudos Translacionais em Transtorno do Espectro Autista - GETTEA.
2. Hospital de Clínicas de Porto Alegre - HCPA.
3. Laboratório de Plasticidade Neuroglial, Departamento de Bioquímica, ICBS, Universidade Federal do Rio Grande do Sul - UFRGS.
4. School of Pharmacy and Biomedical Sciences, Faculty of Clinical and Biomedical Sciences, University of Central Lancashire - UCLan, Preston - UK.
5. Centro de Biotecnologia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul - UFRGS.

O Transtorno do Espectro Autista (TEA) é caracterizado por dificuldades na comunicação social e por um repertório restrito de atividades e de interesses. A etiologia do TEA continua desconhecida e o diagnóstico atualmente é baseado em características comportamentais, sem a disponibilidade de biomarcadores. A exposição pré-natal ao ácido valproico (VPA) durante o desenvolvimento embrionário aumenta o risco de desenvolver TEA. Assim, o VPA vem sendo utilizado para induzir um modelo animal de TEA. MicroRNA (miRNA) são pequenos RNA não codificantes com 19-25 nucleotídeos que agem como reguladores pós-transcricionais no controle de vários processos biológicos. Níveis alterados da expressão de miRNA podem estar relacionados a características do TEA e podem fornecer novas perspectivas na busca de marcadores moleculares para diagnósticos. Baseado nisso, o objetivo deste estudo foi avaliar e comparar os níveis de expressão de miRNA em amostras de sangue total de: (1) modelo animal de TEA induzido por exposição pré-natal ao ácido valproico (VPA), e; (2) indivíduos com TEA. Este trabalho foi aprovado pelo comitê de ética (#30452) da Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS). O modelo animal foi induzido por uma injeção intraperitoneal única de VPA (600 mg/kg) no dia gestacional 12,5, enquanto o grupo controle recebeu solução salina. As amostras de sangue periférico dos pacientes e do grupo controle (5-15 anos de idade) foram obtidas no Hospital de Clínicas de Porto Alegre (HCPA), e as amostras dos animais foram obtidas 30 dias após o nascimento. O RNA total foi então extraído e os níveis de miRNA foram avaliados pela técnica de transcrição reversa seguida pela reação em cadeia da polimerase quantitativa (RT-qPCR), utilizando o método $-\Delta\Delta C_t$ e considerando as eficiências das reações para o cálculo das expressões relativas dos miRNA. O algoritmo geNorm foi empregado para identificar os normalizadores de miRNA entre 16 miRNA analisados. A análise estatística foi feita pelo teste *t* de Student, com $p < 0,05$ considerado significativo. Os indivíduos com TEA apresentaram níveis aumentados de miR-138 e miR-134 no sangue. De forma interessante, miR-134 também estava aumentado no sangue de animais de 30 dias do modelo VPA, mostrando que alterações induzidas por VPA nos níveis de miRNA podem estar correlacionadas com os achados clínicos. Concluindo, essas evidências indicam que o perfil de miRNA pode ser usado para caracterizar vias potenciais envolvidas na fisiopatologia do TEA e apresentam potenciais biomarcadores para ferramentas diagnósticas no futuro, além de investigações mecanicistas sobre as vias de sinalização alteradas no TEA. Agradecimentos: CAPES, CNPq, PROPESQ-UFRGS, FIPE-HCPA, INCT-NIM.