

Predição e análise de expressão de MicroRNAs em modelo animal de hipertrofia cardíaca fisiológica induzida por natação

Daniel Sturza Lucas Caetano

Laboratório de Pesquisa Cardiovascular do Hospital de Clínicas de Porto Alegre

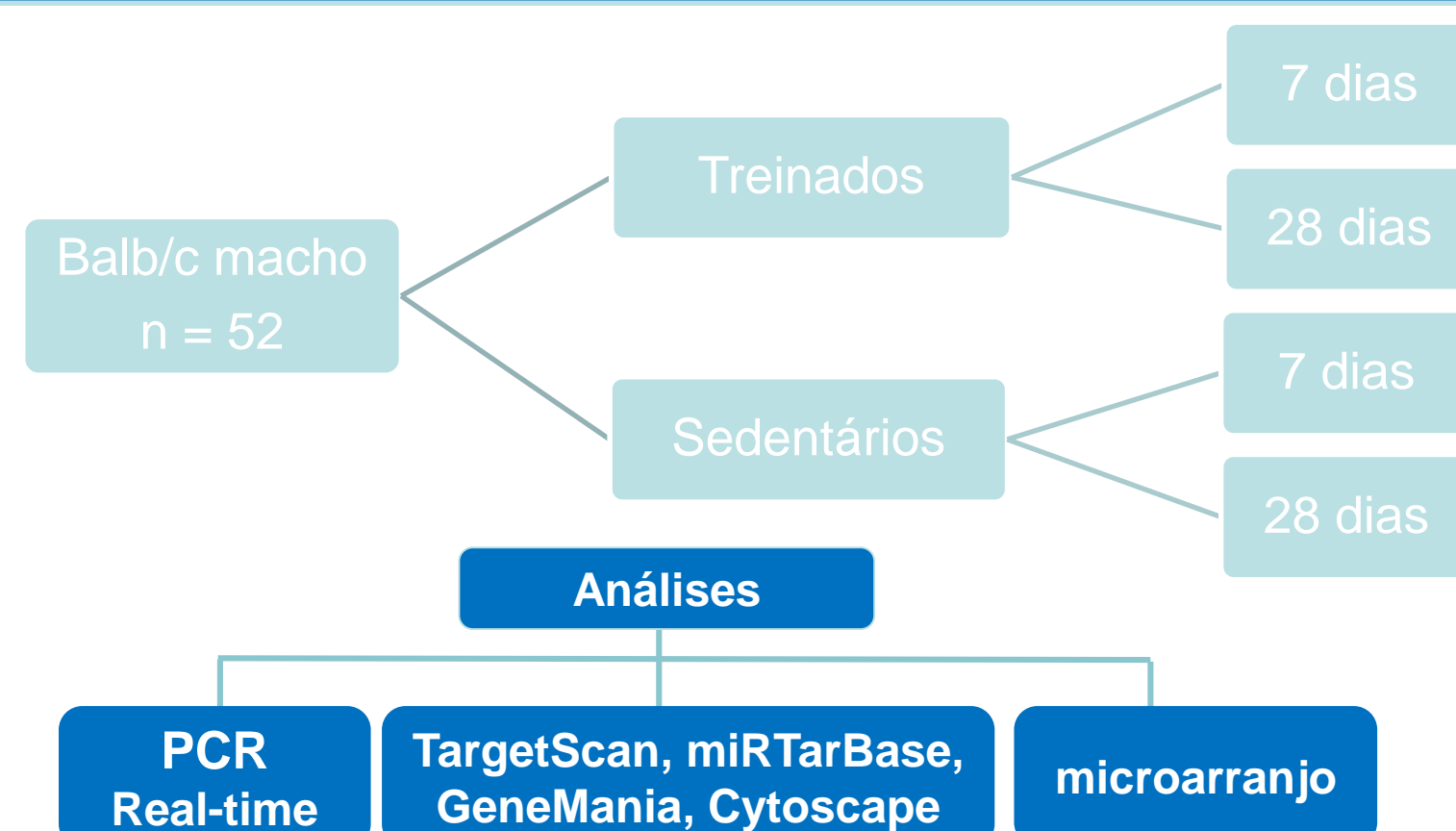
Introdução

A hipertrofia cardíaca fisiológica (HCF) apresenta sinalização de moléculas que estão envolvidas no crescimento muscular. A autofagia é um processo de reciclagem celular promovido pelas células a fim de gerar energia quando necessário. Por outro lado, a expressão de microRNAs parece participar da hipertrofia muscular assim como interagir com a via autofágica. Porém, ainda é controverso e poucos estudos exploram o perfil de microRNAs em modelo fisiológico.

Objetivo

Nosso objetivo foi avaliar possíveis microRNAs preditos na literatura, analisar o perfil de microRNAs e validar sua expressão em um modelo de HCF em camundongos submetidos à natação.

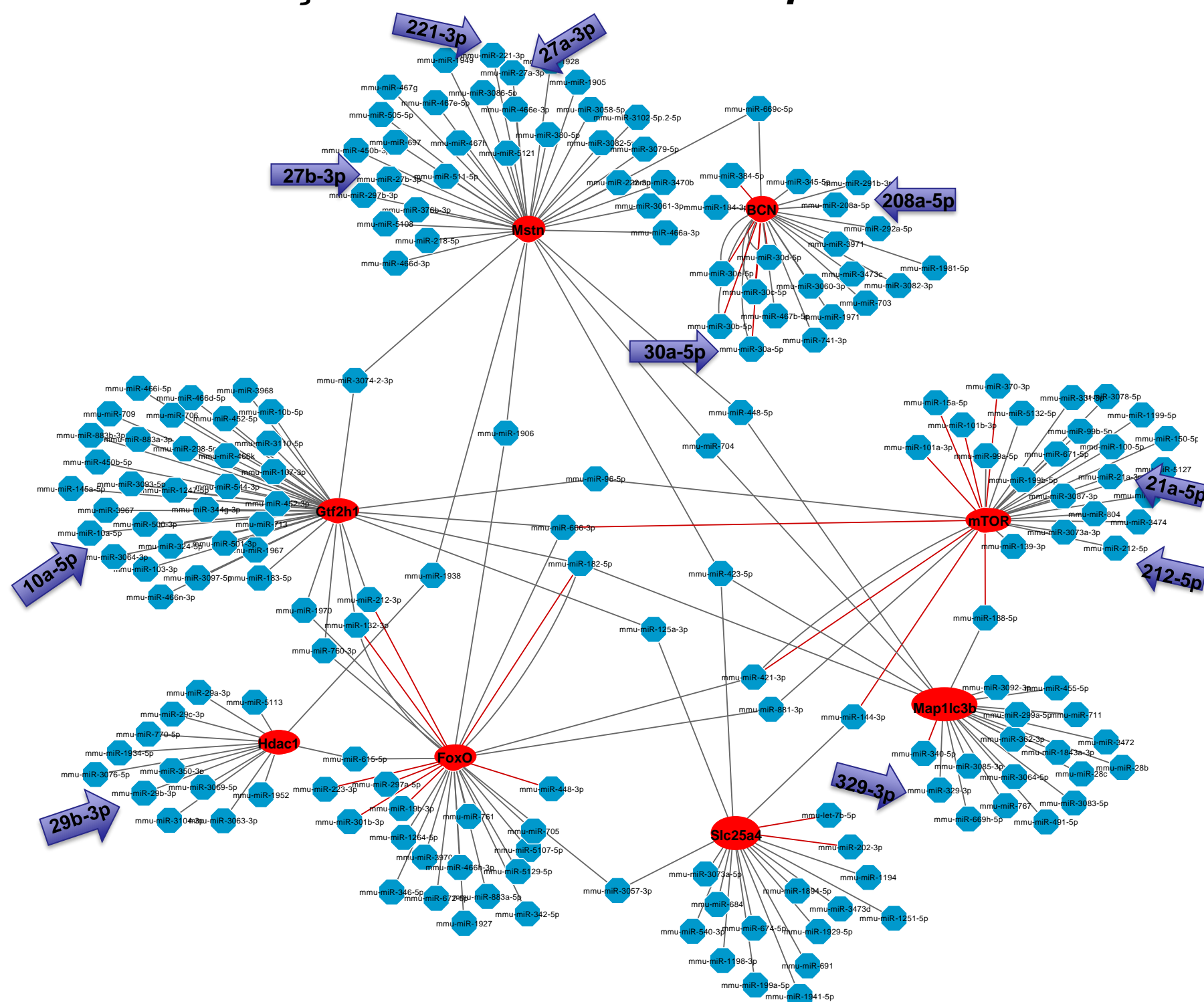
Métodos



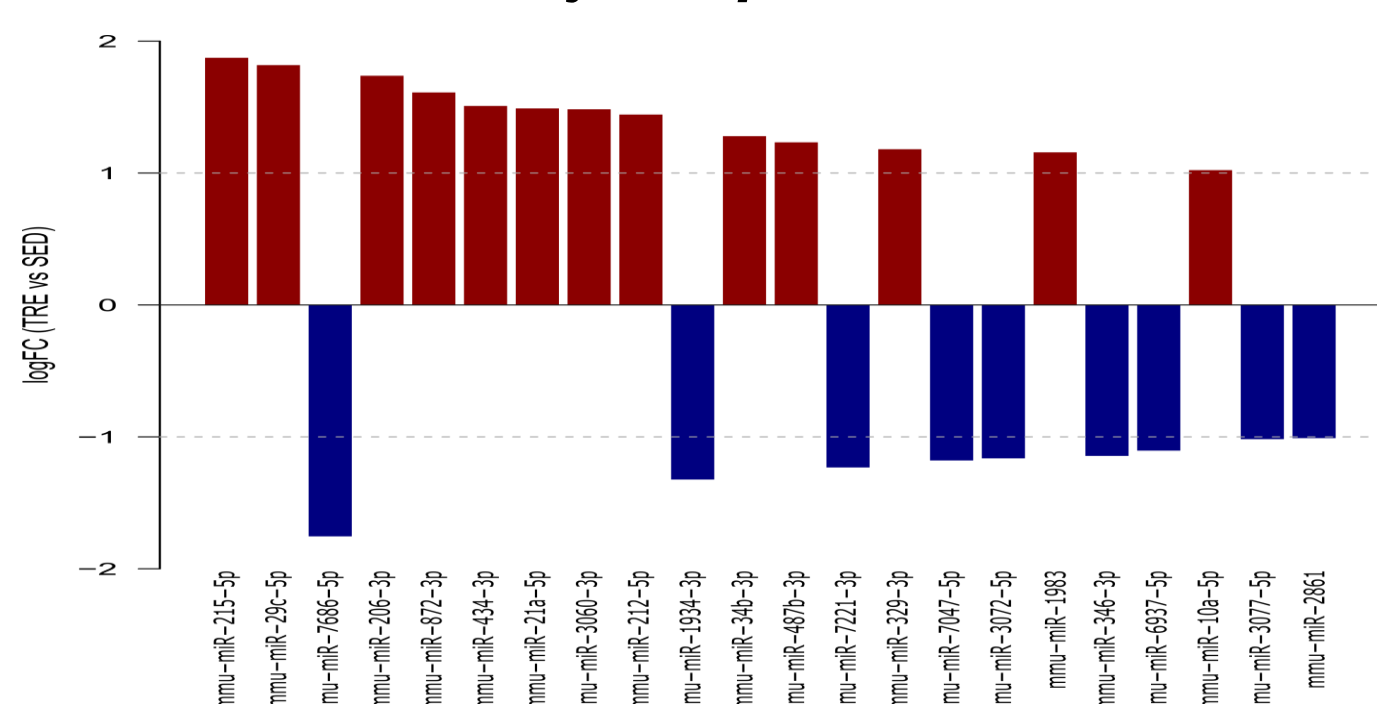
Os animais treinaram 2x/dia/90min por sessão durante 5 dias por semana, foram eutanasiados 24h após a última sessão de exercício e o coração foi coletado e a hipertrofia cardíaca avaliada pela razão VE/tíbia (mg/mm)

Resultados

Predição: 187 miRNAs foram preditos



Microarranjo: expressão de miRNAs

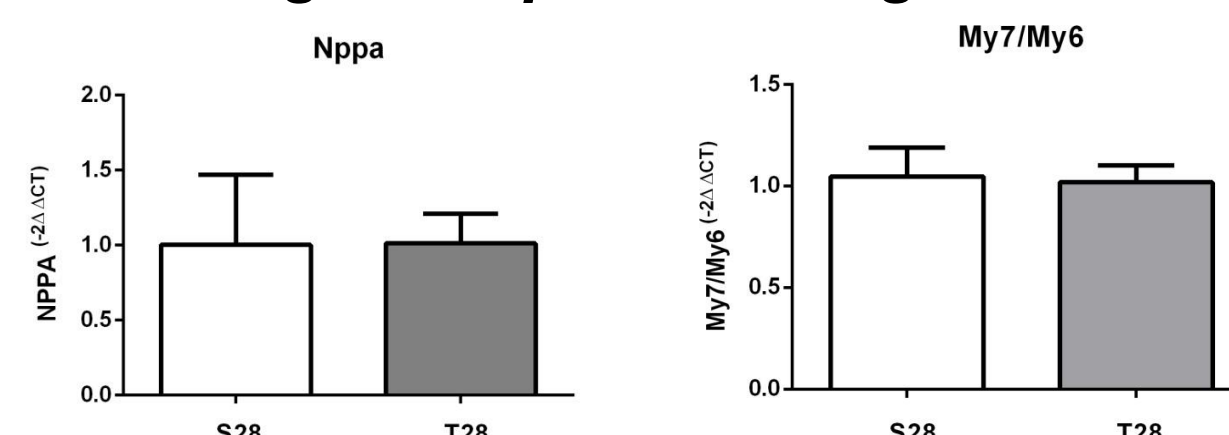


3163 miRNAs foram investigados no microarray

63 miRNAs mostraram FC maior que 2 ($|\log_2FC| > 1$)

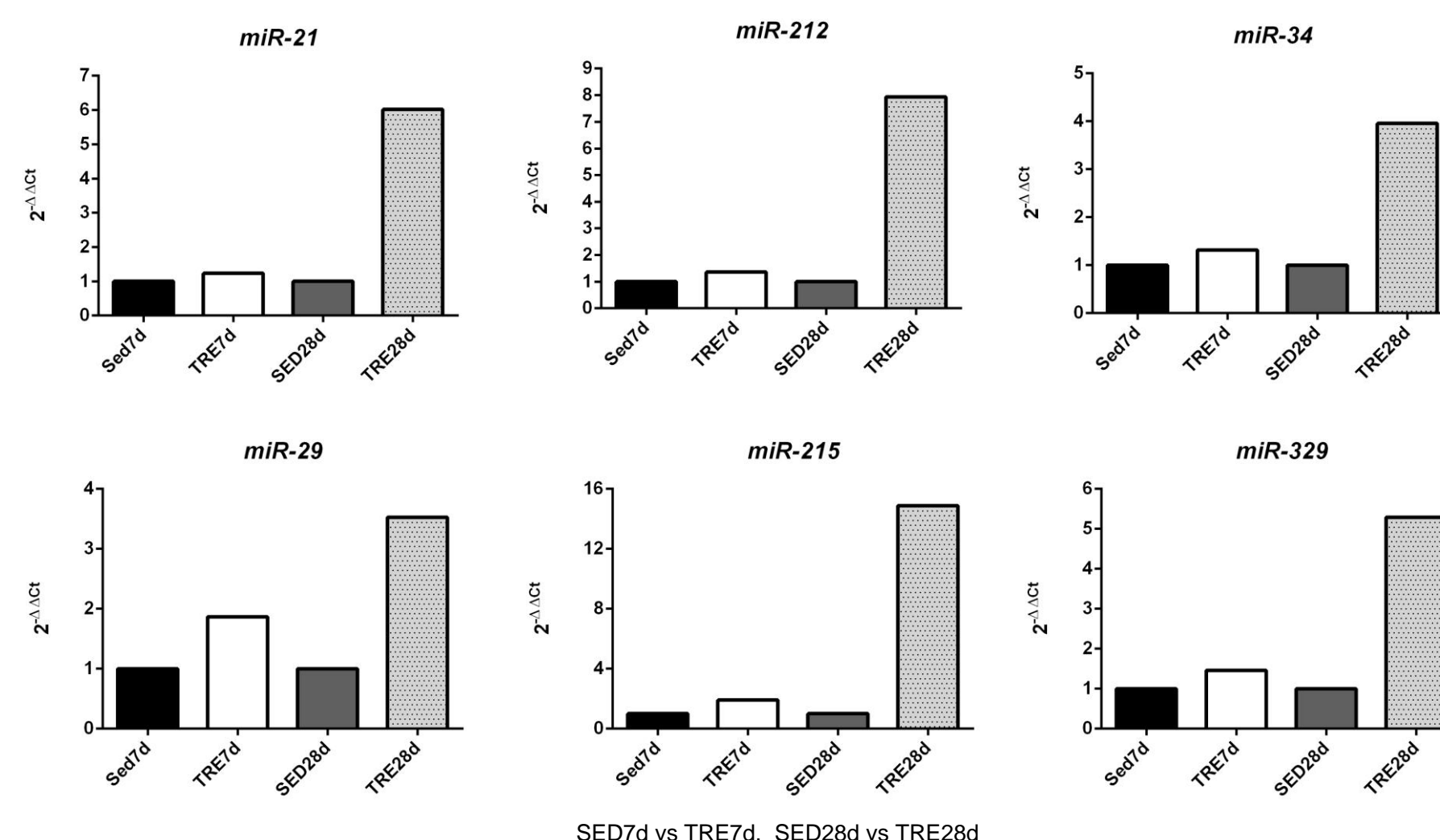
22 miRNAs encontrados são diferencialmente expressos no microarranjo ($|\log_2FC| > 1$ and $p\text{-value} < 0.05$)

Perfil fisiológico: expressão de genes fetais



* $p < 0.05$ comparado com o grupo sedentário. Dados apresentados como média \pm SEM (Student *t*-test).

Validação de miRNAs alvos



SED7d vs TRE7d, SED28d vs TRE28d

Conclusão

A natação induz hipertrofia cardíaca fisiológica de modo que apresenta-se estabelecida no grupo que treina por 28 dias. A predição de microRNAs se aproximou dos resultados obtidos na expressão do microarranjo, corroborando para os achados. Contudo, a validação dos microRNAs escolhidos não foi confirmada de acordo com a expressão diferencial desses microRNAs.