



**Universidade:  
presente!**

**UFRGS**  
PROPEAQ



**XXXI SIC**

21. 25. OUTUBRO • CAMPUS DO VALE

<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2019: SIC - XXXI SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2019
<b>Local</b>	Campus do Vale - UFRGS
<b>Título</b>	Predição e análise de expressão de MicroRNAs em modelo animal de hipertrofia cardíaca fisiológica induzida por natação
<b>Autor</b>	DANIEL STURZA LUCAS CAETANO
<b>Orientador</b>	ANDREIA BIOLO

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

Daniel Sturza Caetano 1,2 , Andréia Biolo 1,2 .

1 Universidade Federal do Rio Grande do Sul, 2 Laboratório de Pesquisa Cardiovascular do Hospital de Clínicas de Porto Alegre.

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 pouco conhecido o quanto microRNAs participam e regulam este processo em modelo fisiológico.

Nosso objetivo foi identificar, por microarranjo e por bioinformática, microRNAs envolvidos em modelo de HCF .

Após, utilizamos camundongos adultos BALB/c machos (n=52) o qual foram divididos em sedentários (S) e treinados (T) avaliados em 7 (S7 e T7) e 28 (S28 e T28) dias após a natação. Os animais treinaram 2x/dia/90min por sessão durante 5 dias por semana e a temperatura da água foi controlada em 37°C. Os animais foram eutanasiados 24h após a última sessão de exercício, o coração foi coletado e a hipertrofia cardíaca foi avaliada pela razão do peso do ventrículo esquerdo/tibia (VE/tibia, mg/mm). Foi realizada análise de genes fetais apenas nos animais escolhidos para o microarranjo a fim de descartar presença de ativação fetal dos genes NPPA, MYH6 e MYH7. A expressão de microRNAs do microarranjo foi realizada nos corações de 10 animais (S28 n=5 e T28 N=5) pelo GeneChip miRNA 4.0 da Affymetrix utilizando como ponto de corte de expressão diferencial de 2-fold change. Os microRNAs identificados no microarranjo foram validados por PCR em tempo real, portanto os microRNAs escolhidos foram: miR-10, -29, -212, -329, -215, -21 e normalizados pelo U6. A análise de bioinformática dos potenciais microRNAs foi realizada pelo Target Scan e miRTarBase. Os resultados foram expressos como média ± erro padrão e as comparações analisadas pelo teste t de Student.

A hipertrofia cardíaca foi confirmada no grupo treinado pelo aumento de VE/Tibia em T28 (13%; p=0,0001). Os genes fetais NPPA, MYH6 e MYH7 não apresentaram diferença, confirmando que o modelo é fisiológico. O microarranjo identificou 22 microRNAs diferencialmente expressos entre S28 e T28 os quais alguns desses microRNAs foram preditos na análise anterior de bioinformática.

Portanto, a natação induz hipertrofia cardíaca fisiológica de modo que há hipertrofia estabelecida no grupo que treina por 28 dias. Todas as mudanças nos microRNAs miR-10a-5p, -212-5p, -329-3p, -21a-5p, -29c-5p, -34b-3p, -206-3p, 215-5p que tiveram sua expressão alterada foram confirmadas por PCR.

Apoio: Cnpq, Capes, FIPE-HCPA.