



RESUMOS DE PESQUISA .....216

## RESUMOS DE PESQUISA

ABORDAGEM EPIGENÉTICA NO TRATAMENTO DA SÍNDROME DO X-FRÁGIL: REVISÃO INTEGRATIVA .....	217
IDENTIFICAÇÃO E ANOTAÇÃO DE REGIÕES 3' UTR DE PEIXE NEOTROPICAL - PIARACTUS MESOPOTAMICUS .....	218
SELEÇÃO DE COLÔNIAS DE ABELHAS APIS MELLIFERA L. COM O USO DO MARCADOR MICROSSATÉLITE MRJP3 .....	219

---

**ABORDAGEM EPIGENÉTICA NO TRATAMENTO DA SÍNDROME DO X-FRÁGIL: REVISÃO INTEGRATIVA****WILLER DANIEL SILVERIO TEIXEIRA****KARINE MAYUMI KIMURA****MARJORI LEIVA CAMPAROTO**

A síndrome do X frágil (SXF) é um dos distúrbios monogênicos mais frequentes de deficiência intelectual no ser humano, sendo causado pela expansão instável da repetição (CGG)<sub>n</sub> na região 5' não traduzida do gene FMR1. Nos últimos anos, novas abordagens terapêuticas têm sido testadas em células de pacientes portadores da SXF. Investigar o conteúdo das publicações sobre as terapias epigenéticas para a síndrome do X Frágil. Para a revisão integrativa foi realizado o levantamento bibliográfico nas bases: PubMed, BVS e EMBASE, por meio dos descritores: "DNA demethylation", "Histone deacetylase inhibitors", "Histone acetylation", "Epigenetic treatment" e "Fragile x syndrome". Foram excluídas as publicações com modelos animais, outras terapias sem ser epigenética, e as que não continham dados empíricos. Após a coleta das informações dos estudos incluídos, foi realizada a organização dos dados em tópicos específicos como: 1) intervenções estudadas, 2) variáveis e 3) resultados. A partir do levantamento de dados foram encontrados 186 artigos, e destes selecionados 22, considerando os critérios de exclusão estabelecidos. Dentre os compostos testados para a reativação transcricional do gene FMR1 estão em destaque os inibidores de histona desacetilase e os inibidores da DNA metiltransferase. As principais drogas estudadas foram a 5-aza-2-desoxicitidina (5-azadC), a 5-azadeoxicitidina e a tricostatina A. A 5-azadC foi a que apresentou resultados mais promissores em relação à reativação do FMR1, resultando na restauração da expressão entre 15% e 45% com relação aos níveis encontrados em células de indivíduos normais, sendo a dose da substância intimamente ligada a sua eficácia. No entanto, quanto maior a dose do 5-azadC, maior a toxicidade, limitando seu uso terapêutico. As pesquisas no ramo da terapia epigenética apresentam um nítido avanço nas mais diversas patologias, no entanto, quando se trata da síndrome do X frágil, ainda há poucos estudos. A 5-azadC foi a mais promissora das substâncias analisadas, mas apresenta elevada citotoxicidade ao atingir melhor eficiência. Desta forma, novos compostos devem ser investigados a fim de encontrar uma droga ideal para uma terapia eficiente e segura na SXF.

Pesquisa (ENAPI )

UNIVERSIDADE DO OESTE PAULISTA - UNOESTE

Comunicação oral

Ciências Biológicas

Genética

---

## IDENTIFICAÇÃO E ANOTAÇÃO DE REGIÕES 3' UTR DE PEIXE NEOTROPICAL - PIARACTUS MESOPOTAMICUS

JHULYA ZANFOLIN ANDRADE  
EDSON ASSUNÇÃO MARECO  
VICTOR HUGO GARCIA DE OLIVEIRA

Pesquisas atuais têm demonstrado a grande importância da região não traduzida 3' UTR no processo de regulação pós transcricional especialmente através da interação com os microRNAs complementares à esta região. O pacu, *Piaractus mesopotamicus*, não possui genoma caracterizado. Assim, a falta de informação de interação miRNAs e seus genes, compromete as pesquisas com organismos não modelo. Realizar análises *in silico* para obter informações mais precisas de sequências não codificantes do pacu. Identificar região 3' UTR em comparação com as regiões de outras espécies modelo de peixes. Todas as informações utilizadas para a realização deste projeto são oriundas de banco de dados públicos. As sequências nucleotídicas do pacu correspondem aos transcritos obtidos através do sequenciamento do transcriptoma do músculo estriado esquelético de indivíduos adultos publicados por Mareco et. al 2019 (nº de acesso PRJEB6656) e as sequências das outras espécies utilizadas foram obtidas no banco de dados Ensembl. A busca pelas regiões não traduzidas foi realizada de alinhamento local. A anotação foi realizada com base na melhor porcentagem de identidades, agrupando as maiores para melhor alinhamento e construção de árvores filogenéticas. Após alinhamento local, identificamos 45.946 sequências com e-value superior a 0,0001 e as que apresentaram superioridade de 28nt com identidade nucleotídica maior ou igual a 91% foram filtradas totalizando 487. As análises demonstraram que somente 210 sequências possuíam algum tipo de interação entre si e que 105 sequências foram consideradas super-representadas em comparação com o genoma utilizado de referência. O final da filtragem obtivemos 34 conjuntos que apresentou similaridade com alguma espécie modelo. Em seguida, buscou-se as sequências ortólogas dos outros organismos. A comparação entre as espécies permitiu reduzir as análises para avaliar o nível de conservação evolutiva entre as espécies de teleósteos. No entanto, estudos com organismos não modelos utilizam as informações genéticas oriundas de organismos modelos, demonstrando um problema na obtenção de resultados de suas pesquisas. Assim, estudos mais aprofundados relacionados a inferência evolutivas referente a interação 3'UTR/miRNA são necessários, para uma melhor compreensão de seu papel ao longo dos mais diversos táxons. Nossos estudos demonstraram que o uso de informações de interação 3'UTR/miRNA de outros organismos podem não refletir os mesmos resultados para análises de pacu.

Pesquisa (ENAPI )

UNIVERSIDADE DO OESTE PAULISTA - UNOESTE

Ciências Biológicas

Comunicação oral

Genética

---

SELEÇÃO DE COLÔNIAS DE ABELHAS APIS MELLIFERA L. COM O USO DO MARCADOR  
MICROSSATÉLITE MRJP3

GABRIEL APARECIDO GODOY RIBEIRO

LEONARDO DE OLIVEIRA LOPES

ANA PAULA NUNES ZAGO OLIVEIRA

Em abelhas *Apis mellifera*, a diferenciação de castas está ligada também a dieta fornecida por abelhas nutrizas, onde as larvas são alimentadas com geleia real durante os 3 primeiros dias de vida. A geleia real é constituída por diversos compostos, dentre eles, a família das Principais Proteínas da Geleia Real (MRJPs). Neste grupo se encontra a MRJP3, uma proteína altamente polimórfica e utilizada como marcador molecular para genotipagem de colmeias produtoras de geleia real. Verificar se há variabilidade genética presente no loco *mrjp3* em abelhas *A. mellifera* africanizadas pertencentes ao apiário do Campus II (UNOESTE), e se apresentam alta taxa de polimorfismo para esse loco. Almejamos a obtenção de alelos C, D e E, já que esses são relacionados com a melhor produção de geleia real. Foram coletadas 5 operárias nutrizas de *A. mellifera* provenientes de 4 colmeias. Após a coleta as abelhas foram sacrificadas e armazenadas a para o isolamento do DNA. Foi utilizado o protocolo de Bardacki e Skibinski (1994), adaptado para a maceração do torax na extração de DNA, em seguida o material genético foi quantificado em espectrofotômetro NanoDrop Lite. O DNA foi amplificado no termociclador por reação de PCR, onde foi submetido a gel eletroforese, e corados com brometo de etídeo e as imagens capturadas sob luz ultravioleta. Para estimar o tamanho dos alelos foi utilizado o marcador de peso molecular de 100 pares de bases. Nas colônias matrizes até agora analisadas, foram identificados um total de 4 alelos para *mrjp3* (C, D, E, e G). Nessas colmeias, foram identificadas duas rainhas com o genótipo DE, uma com CD e uma com CE. Os alelos detectados nas rainhas C, D e E apresentaram os mesmos valores de frequência, sendo 0,3077, enquanto que o alelo G apresentou a frequência de 0,0769. Os genótipos detectados sugerem que os alelos também são considerados no estudo de Baitala et al. (2010) como marcador molecular para a produção de geleia real, estão presentes. O equilíbrio de Hardy-Weinberg não foi confirmado para o loco *mrjp3*. Os alelos encontrados nas colmeias avaliadas (C, D e E), fazem referência aos resultados anteriores apresentados e estão relacionados a melhor qualidade e produção de geleia real em colmeias de abelhas *A. mellifera* africanizadas. Os resultados mostram que o processo de seleção de linhagens para produção de geleia real pode ser realizado na Unoeste, e é necessário a avaliação de mais colmeias para confirmar os resultados obtidos. Órgão de fomento financiador da pesquisa: UNOESTE