



Evento	Salão UFRGS 2018: SIC - XXX SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2018
Local	Campus do Vale - UFRGS
Título	Predição e análise de expressão de MicroRNAs em modelo animal de hipertrofia cardíaca fisiológica induzida por natação
Autor	DANIEL STURZA LUCAS CAETANO
Orientador	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}.

¹Universidade Federal do Rio Grande do Sul, ²Laboratório 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 controverso e poucos estudos exploram o perfil de microRNAs em modelo fisiológico.

Nosso objetivo foi avaliar possíveis microRNAs preditos na literatura, analisar o perfil de microRNAs e validar sua expressão no modelo de HCF em camundongos submetidos à natação.

A análise dos potenciais microRNAs foi realizada pelo Target Scan e miRTarBase. 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/tíbia (VE/tíbia, 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, -121, -329, -215, -21 e normalizados pelo U6. Os resultados foram expressos como média ± erro padrão e as comparações analisadas pelo teste t de Student.

A predição de bioinformática sugeriu os seguintes microRNAs: miR-10a-5p, -212-5p, -329-5p, -221, -27a/b, -208a/b, -21a-5p, -30a-5p e -29b-3p como reguladores de genes de hipertrofia e autofagia. No protocolo *in vivo* o peso inicial e final dos animais diferiu entre os grupos. A hipertrofia cardíaca foi confirmada no grupo treinado pelo aumento de VE/Tíbia em T28 (13%; p=0,0001). Os genes fetais NPPA, MYH6 e MYH7 não apresentaram diferença (S28 e T28). O microarranjo identificou 22 microRNAs diferencialmente expressos entre S28 e T28 os quais alguns desses microRNAs foram preditos na análise anterior (p<0,05). A validação dos microRNAs escolhidos não apresentou diferença estatística.

Portanto, 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.

Perspectivas: Analisar outros microRNAs identificados no microarranjo e utilizar outros normalizadores nas análises.

Apoio: Cnpq, Capes, FIPE-HCPA.