

Brasil. Como o destino comum do anexo embrionário é o descarte hospitalar, a demanda de parturientes por posse da placenta pode surpreender a equipe, configurando um problema ético que necessita de decisão. Objetivo: Realizar um levantamento de artigos e documentos que possam auxiliar na tomada de decisão nos casos envolvendo demanda de parturiente por posse da placenta. Métodos: Trata-se de uma pesquisa teórica, de abordagem qualitativa, realizada por análise de categoria de Bardin (2011). Os dados foram coletados em artigos identificados nas bases de dado Scielo, Pubmed e no portal de periódicos CAPES/MEC, a partir dos quais foram buscados documentos/legislações que possam envolver a decisão de autorizar ou não a liberação da placenta. Estes artigos e documentos/legislações foram avaliados à luz do referencial da Bioética, e foram elaboradas categorias. CEP/HCPA 130001. Resultados: Foram elaboradas as seguintes categorias: Regulamentação – documentos, como o parecer 07/2016 do Conselho Regional de Medicina do Ceará de 2016, recomendações publicadas no site do Conselho Regional de Medicina de São Paulo sobre placentofagia, Artigo 24 do Código de Ética Médica, Artigo 13 do Código Civil, Artigo 5º da Constituição Federal, recomendações da OMS e da ANVISA, bem como Artigo 131 do Código Penal, além de documentos estrangeiros, como o parecer 86 de 2016 do Conselho Nacional de Ética para as Ciências da Vida de Portugal justificam a liberação da placenta à parturiente, salvo em caráter de exceção; Motivações – Parturientes acreditam em benefícios como melhora da depressão e rapidez na recuperação; Riscos – Precisam ser considerados; Informação – Deve ser clara, respeitando a autodeterminação da parturiente, e é interessante um material informativo; Registro: Um termo de responsabilidade pode ser utilizado e o registro em prontuário é imprescindível. Considerações Finais: A parturiente tem o direito de posse da placenta, independente de sua motivação, salvo em caráter de exceção. Riscos precisam ser considerados, e o compartilhamento de informações claras é essencial. Por fim, é imprescindível o adequado registro da decisão. Unitermos: Placentofagia; Tomada de decisão.

BIOLOGIA CELULAR E MOLECULAR

P1063

Avaliação da modulação da secreção de S100B através do ácido arúndico em fatias hipocâmpais agudas e cultura celular primária de astrócitos

Miriara Borges Leal, Marina Seady, Marina Concli Leite, Adriana Fernanda K. Vizuete, Carlos Alberto Gonçalves - UFRGS

Introdução: Os astrócitos são células gliais que interagem com os neurônios e participam da regulação e organização da transmissão sináptica, além disso, exercem resposta inflamatória no Sistema Nervoso Central (SNC). A proteína S100B, pertence à família de proteínas ligantes de cálcio (Ca⁺⁺), e é secretada predominantemente pelos astrócitos no SNC. Em condições inflamatórias e de lesão tecidual, os astrócitos elevam a secreção de S100B. Sabe-se que o ácido arúndico é capaz de inibir a síntese de S100B e possui efeitos neuroprotetores no SNC. Objetivos: Este trabalho visa avaliar os efeitos do ácido arúndico sobre os astrócitos e a proteína S100B em modelos de fatias hipocâmpais agudas e cultura primária astrocitária. Métodos: Para tanto, fatias hipocâmpais agudas de ratos Wistar (PN30) foram incubadas por 1 h em meio de baixo potássio, com ou sem ácido arúndico (AA) (12,5; 50 e 100 µM). Cultura de astrócitos foram incubadas por 24 h em meio com AA. Posteriormente, as mesmas foram incubadas em meio com lipossacarídeo com ou sem AA (100 e 300 µM) por 1 e 24 h para análise de imunocônteuído e secreção de S100B, assim como GFAP. Foram feitas análises de viabilidade e integridade celular, através da redução de MTT e ensaio da enzima lactato desidrogenase, respectivamente. S100B e GFAP foram mensuradas por ELISA. Os dados obtidos foram descritos por média ± EPM e a análise estatística utilizada foi ANOVA de uma via, seguida de post hoc de Tukey. Foram considerados valores significativos P<0,05. (número do projeto: 34321/CEUA-UFRGS). Resultados: Em fatias hipocâmpais, AA (12,5 e 50 µM) reverteu a elevação da secreção de S100B induzida pelo meio de baixo potássio. Em cultura de astrócitos, as concentrações crescentes do fármaco não alteraram o conteúdo de S100B e GFAP, assim como a secreção de S100B. A secreção de S100B em astrócitos quando expostos ao LPS é bifásica, em 1 hora eleva-se enquanto que reduz em 24 horas. Há uma tendência do AA (100 µM) reverter esses efeitos. Em todos tratamentos não houve alteração da viabilidade celular. Conclusões: Este trabalho ainda está em desenvolvimento. No nosso estudo, não observamos a ação do ácido arúndico sobre a proteína S100B em astrócitos em condições basais. Aparentemente, o efeito deste fármaco é sobre astrócitos reativos e na secreção de S100B, ao reverter as alterações da secreção de S100B induzidas por meio de incubação com baixo potássio e LPS. Experimentos futuros serão realizados para confirmar estes resultados. Unitermos: Astrócitos; Ácido arúndico; S100B.

P1120

Análise de transcriptomas para identificação de biomarcadores de rejeição a transplantes: uma revisão sistemática da literatura

Rodrigo Haas Bueno, Sheyla Paladini, Graziela Hünning Pinto, Raquel Calloni, Mariana Recamonde-Mendoza - UFRGS

Introdução: Embora as taxas de sobrevida em curto prazo de pacientes transplantados tenham aumentado ao longo dos anos, as de longo prazo apresentaram pouca melhora. Desta forma, existe um crescente interesse na análise de dados gerados pelas tecnologias “ômicas” visando à descoberta de biomarcadores específicos para compreender melhor os mecanismos de lesão pós-transplante. Objetivo: Realizar uma SLR de estudos que buscam identificar biomarcadores para rejeição de transplantes de órgãos sólidos a partir de dados de transcriptoma, visando consolidar nosso conhecimento atual acerca do potencial desta abordagem para monitorar e prevenir a ocorrência de rejeição. Método: A partir das palavras-chave “gene expression profile”; “transcriptome”; “allograft rejection”; “graft rejection”; “transplant rejection” e “biomarker” realizou-se uma busca nos bancos de dados eletrônicos PubMed, ScienceDirect e EMBASE. Um total de 598 estudos foram obtidos, os quais foram avaliados por quatro pesquisadores de acordo com critérios de elegibilidade pré-definidos, resultando em 33 estudos selecionados para esta SLR. Resultados: Os estudos selecionados diferem-se nos tipos de transplante (39,5% renal e 30,5% cardíaco) e rejeição (76% aguda e 12% crônica) estudados e pelo tipo de amostra analisada (45,5% biópsia e 24,5% sangue). A grande maioria (75%) utiliza a técnica de microarranjo para análise de transcriptoma. Adicionalmente, os dados extraídos resultaram em uma lista de 1649 genes e 208 miRNAs que apresentam possível associação com rejeição a transplantes. Destes, 36 genes e 7 miRNAs foram descritos como diferencialmente expressos de forma consistente por três ou mais estudos incluídos na SLR. Os genes CXCL9 e STAT1 foram os mais recorrentes dentre os estudos analisados, ambos apresentando aumento da expressão no grupo com rejeição em relação aos grupos controles (indivíduos saudáveis ou pacientes transplantados sem rejeição) em sete estudos distintos. Dentre os miRNAs, o hsa-miR-155 foi detectado por quatro estudos como um miRNA up-regulated em amostras com rejeição em relação aos grupos controles. Conclusões: Uma análise mais aprofundada dos dados extraídos poderá auxiliar em um melhor entendimento acerca das

similaridades e diferenças em termos de alterações moleculares subjacentes à rejeição de transplantes de órgãos sólidos, contribuindo para o delineamento de novas hipóteses sobre potenciais biomarcadores genômicos. Unitermos: Revisão sistemática da literatura (SLR).

P1125

Características epidemiológicas no perfil de infecções por fusariose evidenciado pela técnica de Multilocus Sequence Typing (MLST)

Thais Jacobsen, Priscila Dallé da Rosa, Luciano Zubaran Goldani - HCPA

Fusariose é uma micose causada por um fungo filamentosos hialino cosmopolita que acomete tanto pacientes imunocompetentes, quanto pacientes imunodeprimidos. Atualmente existe uma preocupação em estabelecer o perfil molecular e a relação filogenética das espécies de *Fusarium* spp., bem como o perfil dos pacientes acometidos, a fim de esclarecer a epidemiologia local da doença. Objetivo deste trabalho foi determinar a epidemiologia molecular de 66 isolados de *Fusarium* spp. A metodologia utilizada para identificação foi através do sequenciamento dos genes: ITS, EF1- α e RPB2. Os resultados do sequenciamento foram analisados com auxílio da ferramenta ChromasPro e consultados a partir das bases de dados do BLAST e do FUSARIUM-MLST, esse projeto de pesquisa científica foi aprovado pelo GPPG e plataforma Brasil, respeitando todos os aspectos éticos, estando sob o número do CAAE: 52251115.4.0000.5327. Em resumo, o complexo que predominou nas Fusariose foi o complexo *Fusarium solani* (FSSC), seguido pelo complexo *Fusarium oxysporum* FOSC. A espécie mais prevalente foi *Fusarium solani* para Ceratite Fúngica e Fusariose Invasiva. Conquanto, em onicomicose foi *Fusarium keratoplasticum*. Essa espécie se diferencia dos estudos de onicomicose da região sudeste do Brasil, na qual predominam espécies de *F. oxysporum*. A identificação molecular pela técnica de "Multilocus Sequence Typing" (MLST) poderá possibilitar ainda o desenvolvimento de métodos de diagnóstico, análises filogenéticas, epidemiológica e de genética de populações dos fungos da área médica. Esse tipo de pesquisa é fundamental para o conhecimento epidemiológico local da doença, assim como a caracterização do perfil de sensibilidade desse fungo, dessa maneira foi definido as espécies mais prevalentes nas Fusariose dos casos de Ceratite, Onicomicose e Doença Fúngica Disseminada. Unitermos: Complexo fusarium; Epidemiologia molecular; Fusariose.

P1145

Diversidade bacteriana em fígado de ratos após hepatectomia de 90% tratados por terapia celular

Marina Hentschke Lopes, Graziella Rodrigues, Tiago Falcon, Martiela Freitas, Paola Barcelos Carneiro, Ursula Matte - HCPA

Introdução: A hepatectomia de 90% é um modelo de insuficiência hepática aguda (HP90%) que aumenta a translocação bacteriana. Objetivo: Avaliar a diversidade bacteriana no fígado de animais com HP90% submetidos a tratamentos com terapia celular. Materiais e métodos: Cápsulas de alginato de sódio contendo medula óssea total (MOT), plaquetas (PLT) ou cápsulas vazias (CV) foram implantadas no peritônio de ratos submetidos à HP90%. Os animais foram eutanasiados após 1 e 3 horas. Os fígados foram coletados e armazenados a -80°C para extração do DNA bacteriano seguida de amplificação, com primers para a região V4 do gene 16S e sequenciamento de nova geração. Foi realizada análise multivariada permutacional (PERMANOVA). Este estudo foi aprovado pela Comissão de Ética no Uso de Animais em Pesquisa do HCPA, sob número 14-0560. Resultados: As análises globais de diversidade (alfa e beta) não indicam variação quali-quantitativa entre os grupos. Os filos mais representados foram Proteobacteria, Firmicutes e Bacteroidetes, sendo que Firmicutes e Proteobacteria apresentaram correlação negativa ($R \cong -1$). A PERMANOVA sugere que os centróides dos grupos não variam significativamente nos níveis de Filo, Ordem, Família e Gênero, indicando pouca ou nenhuma variação entre os tratamentos nestes níveis taxonômicos. Já no nível de Classe, a PERMANOVA indica variação entre os centróides (diferença entre os grupos) ($P = 0.0239$, $R^2 = 0.30281$, Pseudo-F = 1.8614). O teste de homogeneidade multivariado da dispersão das amostras baseado em permutação sugere que há variação na dispersão amostral entre os grupos MOT_1H e os grupos CV_1H, PLT_1H, PLT_3H no nível de Ordem ($P < 0.03$; $F = 3.6137$, 999 permutações); MOT_1H e os grupos CV_1H, PLT_1H, PLT_3H e MOT_3H no nível de Família ($P < 0.03$; $F = 3.3815$, 999 permutações); MOT_1H e os grupos CV_1H, PLT_1H, e MOT_3H no nível de Gênero ($P \leq 0.035$; $F = 4.2585$, 999 permutações) em todos os níveis taxonômicos, exceto Filo. Conclusões: Existe variação significativa na dispersão entre os diferentes tratamentos, principalmente no grupo PLT 1H e os centróides estão aproximados, indicando que variações entre os táxons pontuais podem existir. Para futuros estudos, análises nesses níveis deverão ser aprofundadas para determinar quais os táxons que variam entre os diferentes grupos, assim como as vias metabólicas enriquecidas em cada tratamento. Unitermos: Hepatectomia de 90%; Diversidade bacteriana; Terapia celular.

P1179

Pré-tratamento com ceftriaxona modula o metabolismo energético cerebral em ratos submetidos a um modelo experimental de isquemia focal permanente

Rodrigo Vieira Apel, Yasmine Nonose, Andressa Wigner Brochier, Jussemara Souza da Silva, Roberto Farina de Almeida, Fernanda Urruth Fontella, Diogo Onofre Gomes de Souza, Adriano Martimbianco de Assis - UFRGS

A isquemia cerebral é uma das maiores causas de morte e deficiência adquirida em adultos. Estudos recentes demonstram que a ceftriaxona (CTX), um antibiótico beta lactâmico, pode induzir tolerância à isquemia por aumentar a expressão de transportador de glutamato (GLT-1). Entretanto, nenhum estudo avaliou as alterações metabólicas decorrentes da modulação do transporte de glutamato por CTX após a indução de evento isquêmico. Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar as alterações decorrentes do pré-tratamento com CTX em ratos submetidos à isquemia focal permanente (FPI), com enfoque no metabolismo energético. Foram utilizados ratos Wistar machos de 90 dias divididos em quatro grupos: sham salina (SS), sham CTX (SCTX), isquemia salina (IS), e isquemia CTX (ICTX). Os animais do grupo pré-tratado receberam CTX (400mg/kg) por cinco dias previamente à FPI, enquanto outros receberam apenas veículo (salina). A FPI foi realizada por termocoagulação dos vasos piais dos córtices motor e sensoriomotor, enquanto nos animais sham era realizada somente craniotomia em equipamento estereotáxico. Dois dias após a indução da FPI, foram analisados os seguintes parâmetros: (i) volume de infarto por coloração de TTC; (ii) imunocontéudo de GLT-1 por Western Blot; (iii) oxidação de substratos marcados radioativamente; e (iv) concentração de aminoácidos no líquor por HPLC. Observamos que o pré-tratamento com CTX reduziu o volume de infarto causado pela FPI ($P < 0,0001$). Não foi observado aumento no imunocontéudo de GLT-1, mas sua diminuição causada pela FPI foi prevenida no grupo ICTX. Quanto ao metabolismo do glutamato, pudemos notar que o pré-tratamento com CTX reduziu a taxa de oxidação desse neurotransmissor pós-FPI (ICTX), retornando aos valores basais quando comparado com o grupo não tratado (IS). O mesmo efeito foi observado com a oxidação de