

promissora no tratamento de diversas patologias neuropsiquiátricas, e pode ser uma alternativa para minimizar os efeitos deletérios do estresse sobre o sistema nervoso central. **OBJETIVO:** Mensurar impacto da ETCC nos níveis de brain-derived neurotrophic factor (BDNF) em medula espinhal de ratos expostos a estresse por imobilização. **MÉTODOS:** Ratos Wistar, machos, de 2 meses de idade (n=100) foram imobilizados por 20 minutos. Alguns animais receberam uma sessão de ETCC bimodal (500 µA), enquanto outros uma simulação de tratamento (sham- ETCC) durante a imobilização. Os animais foram eutanasiados após a intervenção de acordo com os seus grupos (30, 60, 12 min ou 24 horas). Os animais do grupo controle não receberam qualquer tratamento. Desta forma, os animais foram alocados em 10 grupos: ETCC 30, ETCC 60, ETCC 120, ETCC 24, Sham ETCC 30, Sham ETCC 60, Sham ETCC 120 e Sham ETCC 24. A técnica de Enzyme-Linked Immunosorbent Assay (ELISA) foi usada para dosagem de BDNF em medula espinhal e corticosterona em soro. A estatística foi feita por Mann Whitney para corticosterona e ANOVA seguida de Teste LSD de Fischer para BDNF. P<0,05. Aprovação CEUA/HCPA: 16-0408 e 2019-0126. **RESULTADOS:** Os grupos submetidos ao modelo de estresse por imobilização apresentaram níveis significativamente maiores de corticosterona sérica em relação ao grupo controle. O estresse gerou diminuição significativa de BDNF medular nos tempos 60, 120 minutos e 24 horas após a intervenção. O ETCC reverteu totalmente esse efeito nos animais tratados. **CONCLUSÕES:** O modelo de restrição dos movimentos utilizado no estudo mostrou-se efetivo como estressor. A defasagem na capacidade neurotrófica desencadeada por estresse observada nos grupos imobilizados foi completamente revertida por uma única sessão de ETCC nas condições do estudo. Desta forma, os presentes dados sugerem efeito da ETCC em alterações induzidas por estresse, o que pode ser útil como tratamento adjuvante em certas condições clínicas. Futuros estudos serão importantes para investigar outros mecanismos envolvidos na ação preventiva desta terapia.

3148

DAMAGE-ASSOCIATED MOLECULAR PATTERNS (DAMPs) RELATED TO IMMUNOGENIC CELL DEATH ARE DIFFERENTIALLY TRIGGERED BY CLINICALLY RELEVANT CHEMOTHERAPEUTICS IN LUNG ADENOCARCINOMA CELLS

JOSÉ IGNÁCIO GONZALEZ; CRISTIANO FEIJÓ ANDRADE; FABIO KLAMT; EDUARDO CREMONESE FILIPPI-CHIELA
UFRGS - Universidade Federal do Rio Grande do Sul

Introduction : Chemotherapeutics can stimulate immune antitumor response by inducing immunogenic cell death (ICD), which is activated by Damage-Associated Molecular Patterns (DAMPs) like the exposure of calreticulin (CRT) on the cell surface, the release of ATP and the secretion of High Mobility Group Box 1 (HMGB1). **Methods:** Here, we investigated the levels of ICD-associated DAMPs induced by chemotherapeutics commonly used in the clinical practice of non-small cell lung cancer (NSCLC) and the association of these DAMPs with apoptosis and autophagy. A549 human lung adenocarcinoma cells were treated with clinically relevant doses of cisplatin, carboplatin, etoposide, paclitaxel and gemcitabine. We assessed ICD-associated DAMPs, cell viability, apoptosis and autophagy in an integrated way. **Results:** Cisplatin and its combination with etoposide induced the highest levels of apoptosis, while etoposide was the less pro-apoptotic treatment. Cisplatin also induced the highest levels of ICD-associated DAMPs, which was not incremented by co-treatments. Etoposide induced the lower levels of ICD and the highest levels of autophagy, suggesting that the cytoprotective role of autophagy is dominant in relation to its pro-ICD role. High levels of CRT were associated with better prognosis in TCGA databank. In an integrative analysis we found a strong positive correlation between DAMPs and apoptosis, and a negative correlation between cell number and ICD-associated DAMPs as well as between autophagy and apoptosis markers. We also propose a mathematical integration of ICD-associated DAMPs in an index (IndImmuno) that may represent with greater biological relevance this process. Cisplatin-treated cells showed the highest IndImmuno, while etoposide was the less immunogenic and the more pro-autophagic treatment. **Conclusions:** Cisplatin alone induced the highest levels of ICD-associated DAMPs, so that its combination with immunotherapy may be a promising therapeutic strategy in NSCLC.

3241

DESENVOLVIMENTO DE UMA RT-QPCR PARA DETECÇÃO E QUANTIFICAÇÃO MOLECULAR DO VÍRUS MAYARO

ANDRÉ FERREIRA HENNIGEN; ANA PAULA MUTERLE VARELA; THAIS FUMACO TEIXEIRA; PAULO MICHEL ROEHE;
LUCAS ROSA FRAGA; ANA CLÁUDIA FRANCO
UFRGS - Universidade Federal do Rio Grande do Sul

INTRODUÇÃO: A Febre de Mayaro, causada pelo Vírus Mayaro (MAYV), é uma doença tropical altamente negligenciada e subnotificada, sendo considerada uma das mais importantes arboviroses emergentes dos neotrópicos. Tem como sintomas mais comuns: artrite/artralgia incapacitante e duradora, exantema e febre alta abrupta. Em casos graves foram registradas hemorragias, encefalite e morte. Infecta principalmente articulações e cartilagens em humanos. Transmitido por mosquitos, ocorre em mamíferos, répteis e aves. Originalmente restrito a florestas tropicais, tem se espalhado rapidamente pela América do Sul e Central, sendo o Brasil o país com o maior número de casos em humanos. Nosso grupo de pesquisa está iniciando projetos que necessitam uma detecção acurada do MAYV em organismos potencialmente infectados. A principal técnica para detecção do RNA viral é a Reação em Cadeia da Polimerase em tempo real com Transcrição Reversa (RT-qPCR). O pequeno número de RT-qPCRs desenvolvidas para MAYV até o momento possuem limitações que podem comprometer a detecção do patógeno. **OBJETIVO:** Desenvolver uma RT-qPCR específica, sensível e capaz de detectar a maior variedade de cepas possível de MAYV. **MÉTODOS:** Os 72 genomas completos de MAYV disponíveis no NCBI foram alinhados no software Geneious. Primers foram desenhados tendo-se o cuidado de evitar ao máximo discordâncias com as sequências virais, reações cruzadas e estruturas secundárias que pudessem afetar o desempenho ou a confiabilidade da reação. MAYV da cepa BeAr 20290 foi multiplicado em células Vero, titulado e o RNA viral extraído foi convertido em DNA complementar (cDNA) para uso na PCR. O produto dessa PCR foi sequenciado para confirmação do alvo amplificado e o cDNA foi usado