

observou a interação entre os fatores de transcrição HAND2 e TBX5, sendo esta interação diminuída na presença de talidomida. Ademais, reconheceu TBX5 como alvo direto da droga.

Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar redes de interação de HAND2 e TBX5 com outras proteínas para identificar potenciais alvos de susceptibilidade genética à TE.

Realizou-se uma busca nos bancos de dados TF2DNA e Reactome por genes das vias de HAND2 e TBX5 para construir uma rede de interação no software STRING v11.0. Paralelamente, gerou-se uma segunda rede, no STRING, com apenas HAND2 e TBX5, permitindo que mais proteínas se ligassem à rede, diferente da primeira que usou apenas genes selecionados na pesquisa. As análises de rede foram feitas no Cytoscape v3.7.1 e nos pacotes clusterProfiler, igraph e Keyplayer (R v3.5.2).

Construiu-se duas redes, a partir das regulações de HAND2 e TBX5 e a partir de suas interações já conhecidas. As duas foram unidas, através de TCF4, HAND2, HEY2, TBX5 e BAIAP2, formando a rede final, que foi utilizada para as análises seguintes. O enriquecimento de ontologias foi realizado na rede final, tendo enriquecimento da via de “câncer de tireoide” e da ontologia de “diferenciação de célula tronco”, além de desenvolvimento do coração, membros, músculos e processos iniciais do desenvolvimento. As proteínas JUN, UBB e TCF4 foram responsáveis pelo maior fluxo de informações e se removidas gerariam rompimento nestas informações da rede. TCF4 exerceu o papel mais central da rede como mainhub e hub. CTNNB1 foi a autoridade, ou seja, que influencia em mais processos fora da rede. Observou-se 8 comunidades na rede final, que são grupos de proteínas com muitas conexões entre si, sendo que TCF4, UBB, JUN e CTNNB1 foram os conectores de três delas, que significa que se retirados perderia a conexão entre os grupos.

As proteínas chaves na estrutura da rede foram JUN, UBB, TCF4 e CTNNB1, proteínas envolvidas com regulação da expressão gênica. Apenas CTNNB1 foi alvo de algum estudo com talidomida. Portanto, este trabalho permitiu avaliar genes ainda não investigados na TE, mas que desempenham um papel chave na manutenção das redes analisadas e, por essa razão, alvos interessantes na TE no contexto das vias biológicas de HAND2 e TBX5.

2790

ANÁLISE DA EXPRESSÃO DE TRKC EM SARCOMA DE EWING

BRUNA ALMEIDA DOS SANTOS; LÍVIA FRATINE DUTRA; MATHEUS GIBEKE SIQUEIRA DALMOLIN; LAURO JOSE GREGIANIN; ALGEMIR LUNARDI BRUNETTO; ANDRÉ TESAINER BRUNETTO; MARIALVA SINIGAGLIA; RAFAEL ROESLER; MARIANE DA CUNHA JAEGER; CAROLINE BRUNETTO DE FARIAS

UFRGS - Universidade Federal do Rio Grande do Sul

Introdução: O sarcoma de Ewing (SE) é um tumor pediátrico, o segundo sarcoma ósseo mais comum em crianças e adolescentes. O tratamento do SE, na maioria das vezes, é a realização de quimioterapia sistêmica associada à cirurgia ou radioterapia, porém os tratamentos atuais tem se mostrado ineficientes, sendo necessária a busca por novas terapias e melhor entendimento a nível molecular do tumor. Deste modo, estudos recentes têm avaliado a presença de receptores de tropomiosina quinase (Trks) em diversos tumores e foi visto que pacientes com SE possuem os três receptores para neurotrofinas (TrkA, TrkB e TrkC). Após nosso grupo avaliar in vitro a inibição combinada (TrkA e TrkB) e a pan-inibição dos três receptores, ficou claro a necessidade de explorar o papel de TrkC no desenvolvimento do SE. **Objetivo:** Analisar a correlação entre os níveis de expressão de TrkC com o prognóstico de pacientes com SE. **Metodologia:** As análises foram realizadas através da plataforma R2 (Genomics Analysis and Visualization Platform) utilizando os datasets GSE63157 e GSE17679. A partir do dataset GSE63157, curvas de sobrevida foram geradas utilizando amostras de 71 pacientes pediátricos, com aplicação de teste post-hoc Bonferroni. Já para análise de dados de expressão de TrkC, desfechos de óbito e não óbito de 14 pacientes adultos desse mesmo dataset foram analisados utilizando teste T. A partir do dataset GSE17679, correspondendo a 48 amostras pediátricas, foi comparada a expressão de TrkC e desfecho clínico, através do teste ANOVA. **Resultados:** Até o presente momento, as análises sugerem que o aumento da expressão de TrkC está relacionada a sobrevida global. **Conclusão:** Os resultados preliminares sugerem que o TrkC tenha um papel importante no prognóstico de sarcoma de Ewing. Portanto, testes complementares serão realizados para o melhor entendimento deste processo.

2819

SIMILARIDADE GENÉTICA ENTRE ISOLADOS DE ESCHERICHIA COLI DE ORIGEM HUMANA, ANIMAL E AMBIENTAL.

GABRIELA SIMÕES DE OLIVEIRA; RAFAELA RAMALHO GUERRA; SILVIA ADRIANA MAYER LENTZ; PRISCILA LAMB WINK; AFONSO LUÍS BARTH; ANDREZA FRANCISCO MARTINS

UFRGS - Universidade Federal do Rio Grande do Sul

Escherichia coli é uma bactéria conhecida por compor a microbiota intestinal de animais e seres humanos, mas que também pode ser encontrada no solo e na água, sendo capaz de sobreviver em diferentes condições e tornar-se patogênica em circunstâncias favoráveis. Considerando esta versatilidade, o presente estudo se propõe a avaliar a disseminação de clones de *E. coli* entre suínos e o ambiente, através de duas técnicas de tipagem molecular, o MLST (Multilocus sequence typing) e o CHType. Foram utilizadas oito amostras de cinco diferentes lotes de granjas localizadas no estado do Rio Grande do Sul – RS, sendo cinco de suabes retais dos suínos e três do ambiente produtivo. A extração de DNA total das amostras foi feita a partir do kit Wizard® Genomic DNA Purification Kit (Promega). A qualidade e a quantificação das amostras foram avaliadas através do Nanodrop e do Qubit. O sequenciamento completo do genoma foi realizado através da plataforma de sequenciamento de nova geração (NGS) Illumina MiSeq V2 (2x 250, paired-end) e as bibliotecas genômicas foram feitas a partir do Nextera XT DNA Sample Preparation Kit (Illumina). A qualidade do sequenciamento foi verificada in silico por FastQC. As sequências obtidas foram submetidas nos bancos de dados PubMLST e CHType para determinação das cepas. Através da tipagem por MLST, foram encontradas cinco STs diferentes (ST10, ST58, ST101, ST155 e ST617). Na tipagem do