

SUMÁRIO

- CB001 - Identificação de potenciais alvos vacinais de *Clostridium perfringens* via genômica comparativa.** ALVES, Leandro Gomes; CEBALLOS, Victor Augusto Sallum; SOARES, Siomar de Castro 26
- CB002 - Caracterização anatômica de duas espécies de *peperomia* (piperaceae) em Uberaba-MG.** BELLA, Camila da Silva; LIMA, Flávia de Souza 27
- CB003 - Análise dos fatores de virulência do *Helicobacter pylori* na cavidade oral associados com doença periodontal e desgastes dental.** BISINOTTO, Luísa Malta; ESTEVAM, Rayane Bernardes; SILVA, Natalia Maria Jacom Wood da; SILVA, Emerson Abdulmassih Wood da; ADAD, Sheila Jorge; RODRIGUES, Denise Bertulucci Rocha..... 28
- CB004 - Identificação de fatores de virulência de *Clostridium perfringens* via genômica comparativa.** CEBALLOS, Victor Augusto Sallum; ALVES, Leandro Gomes; SOARES, Siomar de Castro..... 29
- CB005 - Estabilidade de cor de resinas compostas imersas em diferentes bebidas após diferentes tempos de polimento.** CRUZ, Maria Fernanda Barbosa; CRUZ, Maria Fernanda Barbosa; BLANCATO, Ariane Beatriz; DETONI, Júlia Silva; FARAONI, Juliana Jendiroba; MARTINS, Vinícius Rangel Geraldo; PALMA-DIBB, Regina Guenka; LEPRI, Cesar Penazzo 30
- CB006 - Terapia fotodinâmica no controle de *Cryptococcus* sp: revisão da literatura.** FERREIRA, Aline Evans; CARVALHO, Ana Thalissa Vilela; MARGATO, Pollyana Rodrigues; THEDEI JÚNIOR, Geraldo 31
- CB007 - Análise do balanço dos níveis de TNF- α e IL-10 em pacientes com doença falciforme e com doença periodontal antes e após o tratamento periodontal.** IDALÓ, Priscila Barbosa; SILVA, Stella Borges da; SILVA, Marcos Vinicius da; RODRIGUES JÚNIOR, Virmondes; RODRIGUES, Denise Bertulucci Rocha 32
- CB008 - Genômica comparativa e epidemiologia molecular de *Corynebacterium diphtheriae*.** MENDONÇA, Arthur Lacerda; SOARES, Siomar de Castro..... 33
- CB009 - Análise histológica do rim de ratos Wistar jovens submetidos a uma dieta hiperlipídica.** NOVAIS, Sofia Nobre; NOVAIS, Sofia Nobre; ALESSANDRO, Karen Mundinho D'; BORGES, Heitor Paulo; RAMIRES, Isabella Rodrigues; ALMEIDA, Rodolfo Nunes de; RESENDE, Lucas Fernandes; QUEIROZ, Adriel Santos; PINTO, Marcelo Rodrigues..... 34
- CB010 - Análise microbiológica de fezes de ratos submetidos a uma dieta rica em lipídeos.** QUEIROZ, Adriel Santos; RAMIRES, Isabella Rodrigues; D'ALESSANDRO, Karen Mundim; BORGES, Heitor Paulo; NOVAIS, Sofia Nobre; ALMEIDA, Rodolfo Nunes de; RESENDE, Lucas Fernandes; PINTO, Marcelo Rodrigues 35
- CB011 - Utilização da microcalorimetria de condução como ferramenta de estudo do metabolismo de *Streptococcus mutans*.** SOBRINHO, Ana Luiza Fernandes; ALMEIDA, Rodolfo Nunes de; LYRIO, Roberta Martins; THEDEI JUNIOR, Geraldo; VASCONCELOS, Andre Belico de 36
- CB012 - Avaliação do TGF- β 1 e TGF- β 3 no rim durante a progressão da insuficiência renal experimental em um modelo de reprogramação fetal.** XAVIER, Samuel Cavalcante; PUCCI, Karla Roberta Martins; HELMO, Fernanda Rodrigues; GUIMARÃES, Camila Souza de Oliveira; REIS, Marlene Antônia dos; CORRÊA, Rosana Rosa Miranda; ROCHA, Laura Penna..... 37



Dias 09 e 10 de novembro de 2016



CB001 - Identificação de potenciais alvos vacinais de *Clostridium perfringens* via genômica comparativa

Apresentador: ALVES, Leandro Gomes
Orientador: SOARES, Siomar de Castro
Bolsa: FAPEMIG
Demais Autores: CEBALLOS, Victor Augusto Sallum
Instituição: Universidade Federal do Triângulo Mineiro
Curso: Biomedicina
Órgão Financiador: FAPEMIG

Clostridium perfringens (CP) está entre as principais espécies patogênicas do gênero *Clostridium*, relacionada com doenças como gangrena gasosa, gastroenterites e enterite necrótica. Além disso, conta com várias toxinas diferentes, sendo suas linhagens classificadas em tipos A-E de acordo com combinações das toxinas que produzem, responsáveis por sua patogenicidade. Apesar do grande interesse médico, veterinário e zoonótico, e da disponibilidade de genomas sequenciados em bancos de dados, a espécie não apresenta muitos estudos aprofundados de genômica comparativa, salientando a necessidade de análises genômicas que elucidem seus mecanismos de virulência. O presente trabalho visa a realização de análises de genômica comparativa, voltadas principalmente à predição de alvos vacinais de linhagens de CP. Para tanto, utilizamos as abordagens: pan-genômica, para analisar o repertório completo de genes entre as diferentes linhagens da espécie, visando identificar o repertório de genes conservados; filogenômica aliada à epidemiologia molecular a nível genômico, para obter uma resolução maior que a de MLST na identificação de microeventos de evolução e de complexos clonais da espécie; e, análises de vacinologia reversa, visando a identificação de proteínas conservadas entre todas as linhagens através de análises de ortologia e proteínas de membrana, expostas na superfície e secretadas que apresentem potencial de adesão e probabilidade de ligação aos MHC I e II para a predição de novos alvos vacinais. Para as análises, foram utilizados 18 genomas disponibilizados no banco de dados do GenBank no NCBI. Os 18 genomas apresentam conteúdo gênico variando de 2742 a 3619 proteínas, com um conteúdo GC de aproximadamente 28% e tamanhos de 2,96 a 4,12 MB. Através de análises de ortologia utilizando o software OrthoMCL, foram preditas 1615 proteínas compartilhadas entre todas as linhagens de *C. perfringens* utilizadas no trabalho. Dentre estas, 469 proteínas foram preditas pelo software SurfG+ como sendo secretadas, expostas na superfície ou de membrana. Estas proteínas foram utilizadas no software Vaxign, para prever as probabilidades de adesão e de ligação aos MHC I e II. 21 proteínas foram selecionadas como candidatas para utilização como alvos vacinais. Estes alvos serão importantes candidatos para o desenvolvimento de novas vacinas que elicitam uma resposta imune eficiente contra um amplo espectro de linhagens de *C. perfringens*.

Palavras-chave: *Clostridium perfringens*. Vacinologia reversa. Genômica comparativa.

Área de Conhecimento: Ciências Biológicas.

CB002 - Caracterização anatômica de duas espécies de peperomia (piperaceae) em Uberaba-MG

Apresentador: BELLA, Camila da Silva
Orientador: LIMA, Flávia de Souza
Bolsa: UFTM
Instituição: Universidade Federal do Triângulo Mineiro
Curso: Ciências Biológicas

As Piperaceae apresentam distribuição pantropical, com cerca de 500 espécies no território brasileiro (Yuncker 1958). Podem ser reconhecidas por suas folhagens vistosas e pelo porte ornamental. A maioria das espécies apresenta folhas com tecidos especializados em reserva de água e folhas suculentas, viabilizando o armazenamento em períodos de seca, (Takemori, Bona e Alquini, 2003). O objetivo foi descrever a anatomia da folha de duas espécies ainda não identificadas de Peperomia (P.sp.1 e P. sp.2), a fim de contribuir para o levantamento de dados anatômicos. Foram coletadas 2 espécies de Peperomia nos meses de setembro e novembro de 2015. De P. sp. 1 foram coletados 4 indivíduos na Reserva Particular Vale Encantado e de P. sp.2 foram coletadas 4 indivíduos no Parque Municipal Mata do Carrinho, 6 indivíduos em Peirópolis e 4 indivíduos na reserva Vale Encantado. Foram coletadas folhas maduras. A metodologia utilizada foi a secção a mão livre segundo a literatura. A detecção de amido foi realizada com lugol. As informações foram documentadas por meio de fotografia. As espécies estudadas apresentam similaridades tais como, folha suculenta, hipoestomática, epiderme múltipla na face adaxial que chega a ocupar visualmente o maior percentual do corte. A primeira camada apresenta células pequenas, de forma oval aproximada e as 5-8 camadas subjacentes apresentam células maiores retangulares. A epiderme na face abaxial é composta por 1-2 camadas. Não foi possível identificar o tipo de estômato. O mesofilo é formado por parênquima clorofiliano regular contendo amido. Em P. sp.1 o mesofilo é composto por cerca de 4 camadas de células, contendo, a primeira delas logo abaixo da epiderme, drusas. Em P. sp. 2 as drusas estão presentes nas 2-3 primeiras do mesofilo, que possui cerca de oito camadas no total. Nesta espécie, o sistema vascular é representado por feixes colaterais. Não foi possível identificar o tipo de feixe em P. sp.1. Solereder (1908) cita a presença de epiderme simples e hipoderme na folha de Peperomia. Já Takemori, Bona e Alquini (2003), chamam a mesma região de tecido aquífero. Para eles, este tecido tem origem protodérmica, caracterizando como epiderme múltipla. Apesar de não ter sido possível identificar o tipo de estômato, os mesmos autores citam a presença de estômatos estauracítos e outros. A folha hipoestomática parece ser comum na família. O mesofilo homogêneo também pôde ser observado nas imagens apresentadas por Takemori, Bona e Alquini (2003). A presença de drusas em células fotossintetizantes foi citada por Horner (2012). As drusas em tecidos vegetais estão relacionadas à adaptação contra a herbivoria e regulação de cálcio intracelular. Conclusões – Ambas as espécies apresentam características comuns ao gênero. Entretanto, a associação de drusas em plantas apenas em ambientes sombreados deve ser melhor investigada, pois no presente trabalho os cristais estão presentes também em material coletado em ambiente ensolarado.

Palavras-chave: Peperomia; Piperaceae; Caracterização anatômica.

Área de Conhecimento: Ciências Biológicas.

CB003 - Análise dos fatores de virulência do *Helicobacter pylori* na cavidade oral associados com doença periodontal e desgastes dental

Apresentador: BISINOTTO, Luísa Malta
Orientador: RODRIGUES, Denise Bertulucci Rocha
Bolsa: PIBIC-CNPq
Demais Autores: ESTEVAM, Rayane Bernardes; SILVA, Natalia Maria Jacom Wood da; SILVA, Emerson Abdulmassih Wood da; ADAD, Sheila Jorge
Instituição: Universidade de Uberaba
Curso: Graduação em Medicina
Projeto: PIBIC 2014/002

Gastrite é o termo dado ao processo inflamatório observado na mucosa gástrica resultante de uma agressão que pode ser causada por variadas etiologias. Entretanto, sabe-se atualmente, que a maioria dos casos é resultada da infecção pelo *Helicobacter pylori*, bactéria gram-negativa prevalente em aproximadamente 50% da população mundial, muito embora a grande maioria seja assintomática. Um estudo prévio verificou acometimento da cavidade oral pelo *H. pylori*. Além disso, outro estudo demonstrou o possível aumento do Toll-Like Receptor 4 (TLR4) em biópsias de pacientes portadores de gastrite ativa/crônica. A Interleucina 10 (IL-10), também parece estar aumentada em pacientes com inflamação crônica do antro gástrico e os autores acreditam que esta citocina deve estar envolvida no processo de regulação da resposta imune humana. **Objetivo:** Avaliar a cavidade oral de pacientes com (DRGE) esofagite e/ou gastrite com a presença de *H. pylori* associado com sintomatologia da cavidade oral e avaliar a presença a expressão in situ a densidade de TLR4 e IL10 em biópsias de antro gástrico de pacientes com gastrite ativa e crônica comparada com grupo controle. Foram avaliados 40 casos de pacientes que fizeram endoscopia e realizados exame anatomopatológico, sendo 16 biópsias de pacientes com gastrite ativa no antro gástrico, 17 biópsias de gastrite crônica no antro gástrico e 07 biópsias do grupo controle. Para diagnosticar a presença do *H. pylori* na região antro gástrico foi realizado o teste rápido da uréase. No fragmento do corpo foi realizada análise in situ da Interleucina 10 (IL-10) e do TLR4 pela técnica de imunohistoquímica indireta. Para análise do *H. pylori* na cavidade oral foram avaliados 20 destes pacientes *H. pylori* positivos, onde foram coletadas amostras de saliva, fluidos gengivais e esfregaços de diferentes locais da boca. Foi realizada a extração do DNA das amostras coletadas e realizado o PCR utilizando primer 16S rRNA. Os resultados foram considerados significativos quando $p < 0,05$ ao comparar a expressão da IL-10 e do TLR4 tanto nas biópsias de pacientes com gastrite em atividade com as biópsias de pacientes com gastrite crônica e grupo controle, não houve diferença significativa ($p > 0,05$). Da mesma forma ao comparar a densidade de IL-10 e TLR4 em pacientes com infecção pelo *Helicobacter pylori* com o grupo controle, também não houve diferença significativa ($p > 0,05$). Não foi encontrada *H. pylori* na cavidade oral. Pacientes *H. pylori* positivo no antro não apresentavam *H. pylori* na cavidade oral. A expressão de IL-10 e TLR4 parece não estar associada à intensidade da reação inflamatória ou à tendência a cronicidade da gastrite causada pelo *Helicobacter pylori*.

Palavras-chave: *Helicobacter pylori*. IL10. TLR4.

Área de Conhecimento: Ciências Biológicas.

CB004 - Identificação de fatores de virulência de *Clostridium perfringens* via genômica comparativa

Apresentador: CEBALLOS, Victor Augusto Sallum
Orientador: SOARES, Siomar de Castro
Bolsa: FAPEMIG
Demais Autores: ALVES, Leandro Gomes
Instituição: Universidade Federal do Triângulo Mineiro
Curso: Biomedicina
Órgão Financiador: FAPEMIG

Clostridium perfringens é uma bactéria estritamente aeróbia, Gram-positiva, com formato de bastonete, imóvel e que forma esporos. *C. perfringens* são caracterizados em 5 tipos de acordo com a toxina que produzem, sendo elas: tipo A (toxina Alfa) causadora de anemia, icterícia e hemoglobinúria; tipo B (toxinas Alfa, Beta e Épsilon) relacionada à disenteria em cordeiros, graves lesões intestinais e necrose na mucosa da parede intestinal; tipo C (toxina Alfa e Beta) associada à enterotoxemia em diversos animais, podendo evoluir para necrose na mucosa do jejuno; tipo D (toxinas Alfa e Épsilon) relacionada a enterotoxemia dos ovinos; e, tipo E (toxinas Alfa e Iota), cujo agente e a toxina estão presentes ao mesmo tempo no intestino de bovinos e ovinos, sem sinais de enterotoxemia por clostrídeos. Contudo, apesar de sua importância e da disponibilidade de 18 genomas de linhagens da espécie em bancos de dados públicos, as análises de genômica comparativa da espécie ainda foram pouco exploradas. Neste trabalho, realizamos análises de genômica comparativa, voltadas principalmente à identificação de fatores de virulência de linhagens de *C. perfringens*. Para tanto, utilizamos as abordagens: filogenômica utilizando o software Gegenees, para obter um prospecto da relação evolucionária da espécie; e, análises de plasticidade genômica de ilhas de patogenicidade utilizando os softwares GIPSY e Mauve, visando identificar eventos de aquisição e deleção de fatores de virulência em blocos, através de mecanismos de transferência horizontal. Os 18 genomas apresentam conteúdo gênico variando de 2742 a 3619 proteínas, com um conteúdo GC de aproximadamente 28% e tamanhos de 2,96 a 4,12 MB. O heatmap gerado com o gegenees mostra uma alta variabilidade nos genomas que varia de 55 a 91% de similaridade. Na análise de sintenia gênica com o Mauve, no entanto, que os genomas apresentam uma ordem dos blocos genômicos altamente conservada, com regiões de inserção e deleção. Finalmente, nas análises de ilhas genômicas, utilizando as linhagens ATCC 13124 e 13, foram preditos 5 e 4 ilhas de patogenicidade, respectivamente, utilizando como referências não-patogênicas *C. butyricum* e *C. pasteurianum*, sendo que as mesmas apresentaram regiões de plasticidade representadas por deleções nas demais linhagens, visualizadas no software BRIG.A investigação dos genes de virulência presentes nas ilhas de patogenicidade associada às análises de plasticidade genômica em outras linhagens serão importantes para compreender melhor o processo patogênico das linhagens desta espécie.

Palavras-chave: *Clostridium perfringens*. Ilhas de patogenicidade. Fatores de virulência.

Área de Conhecimento: Ciências Biológicas.

CB005 - Estabilidade de cor de resinas compostas imersas em diferentes bebidas após diferentes tempos de polimento

Apresentador: CRUZ, Maria Fernanda Barbosa
Orientador: LEPRI, Cesar Penazzo
Bolsa: PIBIC-UNIUBE
Demais Autores: CRUZ, Maria Fernanda Barbosa; BLANCATO, Ariane Beatriz; DETONI, Júlia Silva; FARAONI, Juliana Jendiroba; MARTINS, Vinícius Rangel Geraldo; PALMA-DIBB, Regina Guenka
Instituição: Universidade de Uberaba
Curso: Graduação em Odontologia
Projeto: PIBIC 2014/006

As resinas compostas são materiais restauradores que possuem uma grande demanda pelos dentistas devido à grande procura dos pacientes por uma aparência estética. Esses compósitos podem ser alterados de acordo com o meio em que são imersos. Esta pesquisa tem como objetivo principal avaliar a estabilidade de cor dessas resinas frente à imersão em diferentes bebidas e ainda, ampliar e aperfeiçoar os estudos relacionados a essas resinas compostas que possuem partículas de carga na escala de nanômetros. O presente estudo analisou resinas compostas imersas em diferentes bebidas após diferentes tempos de polimento. As resinas compostas utilizadas foram: Resina Filtek Z350 XT e a Resina Brilliant NG; as bebidas para o experimento foram café, refrigerante à base de cola, vinho tinto e a água destilada que corresponde ao grupo controle. Foram confeccionados 160 corpos-de-prova:80 de cada resina composta. Vinte corpos de prova receberam polimento imediato, vinte polimento após 24 horas, vinte polimento após 7 dias e os outros vinte não receberam polimento. As análises de cor foram feitas utilizando o aparelho espectrocolorímetro (BYK GARDNER) que utiliza o sistema CIELab. Foi avaliado o ΔE dos grupos após 30 dias ($\Delta E = 30d$ baseline). Os dados foram submetidos à ANOVA e teste de Tukey ($\alpha = 5\%$). Os corpos-de-prova imersos em café e vinho tinto apresentaram alteração de cor significativa, sem diferenças entre si, porém maiores que o refrigerante ($p < 0,05$). Aqueles imersos na água destilada (grupo controle) a alteração de cor foi clinicamente indetectável. Os grupos que não foram polidos apresentaram maior manchamento quando comparados aos grupos polidos, independentemente do tempo de polimento. Desta forma, conclui-se que todas as bebidas testadas possuem capacidade de manchamento nessas resinas compostas, sendo o café e o vinho tinto os grupos com maiores valores de alteração de cor, seguido do refrigerante à base de cola; as resinas compostas polidas apresentaram valores menores de alteração de cor, independentemente do tempo de polimento.

Palavras-chave: Resinas compostas. Polimento dentário. Pigmentação.

Área de Conhecimento: Ciências Biológicas.

CB006 - Terapia fotodinâmica no controle de *Cryptococcus* sp: revisão da literatura

Apresentador: FERREIRA, Aline Evans
Orientador: THEDEI JÚNIOR, Geraldo
Bolsa: PIBIC-FAPEMIG
Demais Autores: CARVALHO, Ana Thalissa Vilela; MARGATO, Pollyana Rodrigues
Instituição: Universidade de Uberaba
Curso: Graduação em Medicina
Projeto: PIBIC-FAPEMIG 2015/009

Estimativas globais apontam para a ocorrência anual de um milhão de casos de meningite criptococócica associada à Síndrome da Imunodeficiência Adquirida (SIDA). Após o início da era da imunossupressão, houve um aumento significativo na incidência de infecções fúngicas e consequentemente aumento na resistência aos antimicrobianos convencionais. A terapia fotodinâmica (TFD) é uma modalidade terapêutica que utiliza fotossensibilizadores e uma fonte de luz, que juntas produzem espécies reativas de oxigênio, comprovadamente microbicidas. O objetivo do estudo foi realizar uma revisão da literatura e comparação de dados de estudos prévios sobre a eficácia da TFD no controle do *Cryptococcus* sp. Foi feita uma busca de trabalhos indexados nas bases de dados Scielo e PUBMED, publicados no período de 2007 a 2015, utilizando-se as palavras chave *Cryptococcus* e Terapia Fotodinâmica. Os trabalhos selecionados foram avaliados quanto ao tipo e dosagem de corante e fonte de luz empregados associado ao percentual de inativação microbiana. Foram encontrados 4 artigos e 2 teses. Os corantes utilizados nesses trabalhos foram Azul de metileno, Cloro alumínio ftalocianina, Rose bengal, Polyethyleneimine chlorin(e6) conjugate (PEI-ce6), Selenium derivative of Nileblue (EtNBS_e), Tris-cationic fullerene (BB6), Complexo nitrosilo de rutênio, 2,6-diiodo-1,3,5,7-tetramethyl-8-(N-methyl-4-pyridyl)-4,4'-difluoroboradiazain-dacene (DIMPY-BODIPY) e Azul de Toluidina. As fontes de luz empregadas foram Laser e Light-emitting diode (LED). Os resultados agrupados mostraram que a melhor associação corante-fonte de luz para a inativação e *Cryptococcus neoformans* foi cloro alumínio ftalocianina, na concentração de 0,13 µM, e Laser (56 mW/cm²), onde houve inativação de mais de 99% das leveduras. Já para *Cryptococcus gatti*, foi encontrado apenas um estudo com o corante azul de toluidina, na concentração de 25 µM, associado ao LED como fonte de luz, no qual foram inativadas 6,45 log das cepas analisadas. Estudos adicionais são necessários para a fundamentação dos resultados analisados e aplicabilidade terapêutica da técnica.

Palavras chaves: *Cryptococcus* sp.. Terapia Fotodinâmica.

Área de Conhecimento: Ciências Biológicas.

CB007 - Análise do balanço dos níveis de TNF- α e IL-10 em pacientes com doença falciforme e com doença periodontal antes e após o tratamento periodontal

Apresentador: IDALÓ, Priscila Barbosa
Orientador: RODRIGUES, Denise Bertulucci Rocha
Bolsa: PIBIC-CNPq
Demais Autores: SILVA, Stella Borges da; SILVA, Marcos Vinicius da; RODRIGUES JÚNIOR, Virmondes
Instituição: Universidade de Uberaba
Curso: Graduação em Medicina
Projeto: PIBIC 2015/008

Doença falciforme (DF) é um grupo de anemias hemolíticas hereditárias em que há alteração estrutural na cadeia betaglobina que produz uma hemoglobina S (HbS) que pode, em condições de hipóxia, se polimerizar e promover a falcização das hemácias. A doença predispõe a crises álgicas e maior susceptibilidade a infecções como a doença periodontal (DP) que apresenta alguns mecanismos da resposta imune associados. Na DP têm sido utilizados biomarcadores presentes no fluido crevicular gengival (FCG) e na saliva para entender a resposta inflamatória do paciente. O TNF- α ; (citocina pró-inflamatória) tem sido descrito com níveis elevados nestes pacientes e parece regular a expressão de moléculas de adesão do endotélio vascular favorecendo o surgimento de crises vaso-oclusivas. Também tem sido encontrada uma maior produção de IL-10 que parece inibir a produção de IL-12 e de co-estimuladores. Objetivo: Avaliar a expressão no FCG e na saliva dos níveis de TNF- α ; e de IL-10, nos pacientes com DF e com DP antes e depois do tratamento periodontal comparados com grupo controle (GC). Foram analisados 2 grupos: GC com 28 pacientes e grupo da DF com 35 pacientes. Realizou-se 2 coletas de saliva e de FCG sendo que, entre elas foi realizado tratamento periodontal. Após a coleta, o cone de papel absorvente foi colocado em tubo eppendorf e mantido a -70°C , assim como os tubos contendo a saliva. Posteriormente, no momento das análises todos os cones foram ressuspensos em 150ul de solução tampão para obtenção do fluido crevicular. A IL-10 e do TNF- α ; foram dosadas utilizando-se da técnica de Cytometric Bead Array - CBA (BD BIOSCIENCES, EUA), conforme instruções do fabricante. A média da idade dos pacientes foi de 29,5 anos, 43 (68,3%) eram do sexo feminino e 20 (31,7%) do masculino. Os tipos de DF mais prevalentes foram: HbSS-19 (54,3,1%), Sβ talassemia- 6 (17,1%) e HbSC-6 (17,1%). Todos os pacientes 63 (100%) apresentaram gengivite, sendo a maioria generalizada 47 (74,6) e de intensidade leve 54 (85,7). A periodontite foi encontrada em 11 (17,4%) pacientes sendo que no grupo DF encontrou-se 4 (11,4%) e GC 7 (25%) pacientes. Não houve diferença significativa na dosagem de TNF- α ; em amostras de saliva de pacientes com DF comparadas com GC antes e após o tratamento periodontal (Mann-Whitney; $p=0,19$; Mann-Whitney; $p=0,82$ respectivamente). Comparando os níveis de TNF- α ; nas amostras de saliva antes e após o tratamento observou-se que houve redução em 14 (40%) pacientes do grupo DF e em 12 (42,8%) do GC. No FCG 33 (94,3%) pacientes do grupo DF obtiveram valores indetectáveis em ambas as amostras e no GC foram 35 (100%). Os níveis de IL-10 foram indetectáveis. Os níveis de TNF- α ; na saliva do grupo com DF comparados com GC, antes e após o tratamento periodontal, não obteve diferença significativa; fato encontrado em outros estudos. Níveis de TNF- α ; e IL-10 antes e após o tratamento periodontal não sofrem alterações na doença falciforme.

Palavras-chave: Doença falciforme. Resposta imune. Doença periodontal.

Área de Conhecimento: Ciências Biológicas.



Dias 09 e 10 de novembro de 2016



CB008 - Genômica comparativa e epidemiologia molecular de *Corynebacterium diphtheriae*

Apresentador: MENDONÇA, Arthur Lacerda
Orientador: SOARES, Siomar de Castro
Bolsa: Jovens Talentos
Instituição: Universidade Federal Do Triângulo Mineiro
Curso: Medicina
Órgão Financiador: CAPES - Jovens Talentos para a Ciência

Corynebacterium diphtheriae é uma espécie bacteriana que tem voltado a se tornar motivo de preocupação devido ao aumento da ocorrência de casos causados por linhagens invasivas. Baseado em propriedades bioquímicas e morfológicas, os isolados de *C. diphtheriae* são divididos em quatro principais biotipos: belfanti, gravis, intermedius e mitis. Objetivos: O presente estudo pretende analisar as relações filogenômicas entre isolados, possibilitando verificar se existe base genética, a partir de uma análise comparativa do genoma completo, para a divisão entre biotipos. Para a análise de genômica comparativa, foram usados genomas sequenciados de 23 cepas de *C. diphtheriae* disponíveis no banco de dados "Genbank" na forma de arquivos no formato .gbk. Então, usou-se o software Gegenees (disponível em <http://www.gegenees.org>) para a análise de genômica comparativa. O software Blast Ring Image Generator (BRIG) foi utilizado para visualização gráfica circular dos genomas. A partir dos resultados de filogenia e genômica comparativa, pode-se observar que isolados de diferentes aspectos clínicos foram agrupados juntos, indicando um alto grau de semelhança genética. Por exemplo, os isolados HC01 (linhagem invasiva - endocardite) e 241 (difteria respiratória), ambos do biovar mitis, foram agrupados juntos. Por outro lado, exemplares como HC07 (biovar gravis) e HC03 (biovar mitis), de diferentes subgrupos, foram agrupados juntos. Em concordância com estudos prévios, a diferenciação de isolados de *C. diphtheriae* em diferentes biovars, pode não ter base genética, haja vista que espécimes de diferentes contextos clínicos, geográficos e grupos podem ser agrupados juntos, a despeito de propriedades bioquímicas e morfológicas, numa análise de similaridade do conteúdo de seu genoma e da filogenia. No entanto, novos métodos de análise, como o MLST de genoma inteiro, podem dar aos pesquisadores uma nova visão acerca do tema.

Palavras-chave: *Corynebacterium diphtheriae*. Genômica comparativa. Epidemiologia molecular.

Área de Conhecimento: Ciências Biológicas.

CB009 - Análise histológica do rim de ratos Wistar jovens submetidos a uma dieta hiperlipídica

Apresentador: NOVAIS, Sofia Nobre
Orientador: PINTO, Marcelo Rodrigues
Demais Autores: NOVAIS, Sofia Nobre; ALESSANDRO, Karen Mundinho D'; BORGES, Heitor Paulo; RAMIRES, Isabella Rodrigues; ALMEIDA, Rodolfo Nunes de; RESENDE, Lucas Fernandes; QUEIROZ, Adriel Santos
Instituição: Universidade de Uberaba
Curso: Graduação em Enfermagem
Projeto: PIBIC-FAPEMIG 2015/014

A obesidade tornou-se um grave problema de saúde pública, sendo comumente associada com alterações metabólicas e histológicas em diversos tecidos. Nos rins, foi sugerido que o acúmulo de gordura corporal pode estar associado a alterações que comprometem a fisiologia do órgão como vasodilatação da arteríola aferente, hiperfiltração glomerular e hipertensão intraglomerular, com consequente retenção de sódio. Tendo em vista que a obesidade é um grande fator de risco para doença renal crônica, o objetivo do presente trabalho foi avaliar a histologia dos rins de ratos Wistar submetidos a uma dieta rica em lipídeos e pobre em carboidratos (HFLCD). Para isso, foram utilizados 10 ratos Wistar machos de 31 dias, pesando aproximadamente 120g/cada. Os animais foram divididos em dois grupos (n=5), controle e experimental. O grupo controle recebeu a dieta balanceada AIN93-G (7%-lipídeo; 63,2%-carboidrato), enquanto o grupo experimental recebeu a dieta HFLCD (68.7%-lipídeo/banha de porco; 6,9%-carboidrato). Os animais receberam dieta e água ad libitum durante 11 semanas. Após este período, os animais foram sacrificados pelo aprofundamento da anestesia (thiopentax 0,1g intraperitoneal); em seguida foi realizada uma laparotomia para a retirada dos órgãos, e os mesmos foram submetidos ao processamento histológico de rotina e corados com Hematoxilina e Eosina. As lâminas foram observadas com auxílio do microscópio de campo claro ZEISS AxiosKop. O trabalho foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa Animal da UNIUBE (nº036/2014). As análises histológicas mostraram que 30% dos ratos alimentados com a dieta HFLCD apresentaram alterações histológicas nos rins. Estas alterações foram sugestivas para ectasia consequente da deposição hialina nos túbulos renais. Dessa forma, os resultados apresentados mostraram que a administração da dieta HFLCD pode afetar a histologia renal, sugerindo que as alterações observadas podem, em longo prazo, comprometer a função do órgão.

Palavras-chave: Dieta hiperlipídica. Histologia renal. Ratos Wistar.

Área de Conhecimento: Ciências Biológicas.



Dias 09 e 10 de novembro de 2016



CB010 - Análise microbiológica de fezes de ratos submetidos a uma dieta rica em lipídeos

Apresentador: QUEIROZ, Adriel Santos
Orientador: PINTO, Marcelo Rodrigues
Bolsa: PIBIC-FAPEMIG
Demais Autores: RAMIRES, Isabella Rodrigues; D'ALESSANDRO, Karen Mundim; BORGES, Heitor Paulo; NOVAIS, Sofia Nobre; ALMEIDA, Rodolfo Nunes de; RESENDE, Lucas Fernandes
Instituição: Universidade de Uberaba
Curso: Graduação em Medicina
Órgão Financiador: FAPEMIG
Projeto: PIBIC-FAPEMIG 2015/14

A obesidade tornou-se um problema de saúde pública mundial, e suas consequências vão além do ganho de peso. Além de possuírem mais chances de apresentar doenças cardiovasculares, renais e metabólicas, pessoas obesas podem apresentar disbiose, que, por sua vez, leva a uma série de alterações fisiológicas que vão muito além da má absorção de nutrientes no intestino. Nesse sentido, o presente estudo tem como objetivo analisar a microbiologia intestinal de ratos Wistar jovens submetidos a uma dieta rica em lipídeos e pobre em carboidratos (HFLCD). Para isso, foram utilizados 10 ratos Wistar machos de 31 dias, pesando aproximadamente 120g/cada. Os animais foram divididos em dois grupos, controle (n=5) e experimental (n=5), e ambos receberam as dietas e água ad libitum. O grupo controle recebeu a dieta balanceada AIN93-G (7%-lipídeo; 63,2%-carboidrato), enquanto o grupo experimental recebeu a dieta HFLCD (68.7%-lipídeo/banha de porco; 6,9%-carboidrato). No final de cada semana, os animais eram alimentados separadamente em gaiolas metabólicas por um período de 24h para que as fezes fossem coletadas. As amostras de cada animal foram plaqueadas em meio de cultura seletivo (MacConkey) em condição de anaerobiose, e esfregaços foram confeccionados e corados pelo método de GRAM. As análises foram realizadas através da contagem das unidades de colônias (UFC), e por microscopia de campo claro. Nossos dados mostraram que antes do início da administração das dietas, ambos os grupos apresentaram quantidades iguais de bactérias GRAM negativas (G-). Após a primeira semana, já foi possível observar uma aparente mudança no perfil de bactérias G- entre os animais estudados ao longo do período experimental, sendo que o grupo controle apresentou maior porcentagem de bactérias G-, quando comparado ao grupo experimental. Entretanto, a partir da terceira semana, animais do grupo experimental passaram a apresentar uma maior porcentagem de bactérias G-, comparados ao controle. Nossos dados sugerem que a dieta HFLCD pode contribuir para uma alteração da microbiota intestinal em ratos Wistar. Dessa forma, tais alterações poderiam comprometer a homeostase do organismo, aumentando a prevalência da síndrome metabólica associada à obesidade. Atualmente mais esforços estão sendo empregados com a finalidade de investigar quais espécies de bactérias estão relacionadas com a ingestão da dieta HFLCD. O trabalho foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa Animal da Uniube (nº036/2014).

Palavras-chave: Dieta hiperlipídica. Microbiota. Ratos Wistar.

Área de Conhecimento: Ciências Biológicas.



Dias 09 e 10 de novembro de 2016



CB011 - Utilização da microcalorimetria de condução como ferramenta de estudo do metabolismo de *Streptococcus mutans*

Apresentador: SOBRINHO, Ana Luiza Fernandes
Orientador: VASCONCELOS, Andre Belico de
Bolsa: PIBIC-FAPEMIG
Demais Autores: ALMEIDA, Rodolfo Nunes de; LYRIO, Roberta Martins; THEDEI JUNIOR, Geraldo
Instituição: Universidade De Uberaba
Curso: Graduação em Medicina Veterinária
Projeto: PIBIC-FAPEMIG 2015/002

O microcalorímetro de condução pode ser usado como ferramenta de avaliação das taxas metabólicas de qualquer sistema biológico, quando estes são submetidos a condições, em que não há alteração de temperatura, pressão e volume. Desta forma supõe-se que a correlação dos dados referentes aos estudos termodinâmicos possa contribuir para a construção de conhecimento das vias metabólicas essenciais de microrganismos. Assim o objetivo foi estudar a resposta metabólica da *Streptococcus mutans*, por microcalorimetria de condução, na presença de glicose e sacarose. O modelo adotado foi o experimental, com delineamento de três tratamentos. Primeiramente, se fez o ensaio Endógeno onde o experimento foi montado de forma que ambas as câmeras calorimétricas tivessem o meio padrão para o uso (Meio mínimo), assim na câmera de experimento foi acondicionado 1,0 mL solução celular versus 1,0 mL de meio mínimo na câmera de controle. No segundo realizou-se o experimento Exógeno com glicose (2M). Na câmera de experimento foram acondicionados 0,5mL de glicose mais 0,5 mL de meio mínimo (compartimento menor) e 1,0 mL de solução celular (compartimento maior). Na câmera de controle utilizou-se 1,0 mL de meio mínimo (compartimento menor) e 1,0 mL de solução celular (compartimento maior). No terceiro experimento consistiu na análise exógena com o uso de sacarose (2M), na câmera de experimento foram acondicionados 0,5mL de sacarose mais 0,5 mL de meio mínimo (compartimento menor) e 1,0 mL de solução celular (compartimento maior). Na câmera de controle utilizou-se 1,0 mL de meio mínimo (compartimento menor) e 1,0 mL de solução celular (compartimento maior). Os ensaios calorimétricos foram realizados em cinco repetições para cada tratamento, em temperatura de $\pm 25^{\circ}\text{C}$. Para todos os ensaios foram utilizados a concentração celular de ± 58 a 68 UFC/mL, mensurada em espectrofotometria. Para isto, utilizou-se da seguinte formula: número de colônias x diluição x 20. Sendo assim, obteve-se a quantidade específica de colônias por mL. As análises dos gráficos calorimétricos foram feitas pelo programa Origin 5.0. A análise estatística foi realizada pelo calculo da média dos valores de entalpia de cada tratamento, utilizando o programa Sigma Plot. Dos resultados foi possível verificar que ocorreu diferença estatística significativa ($p < 0.05$), entre os tratamentos. Com o menor valor de entalpia do metabolismo Endógeno ($146.942,7 \mu\text{J}$), seguido do metabolismo Exógeno utilizando Glicose ($245.331,2 \mu\text{J}$) e posteriormente Sacarose ($622.756,7 \mu\text{J}$). Desta forma, demonstra-se que o consumo de carboidratos pela bactéria destaca-se pela predileção da sacarose, conforme relatado em literatura. Sendo assim, este trabalho se reveste de especial relevância, tanto teórica quanto prática, pelo aspecto do estudo da ciência básica, como ferramenta de aprimoramento do conhecimento do metabolismo de *Streptococcus mutans*, por microcalorimetria.

Palavras-chave: Entalpia. Bactérias. Termodinâmica.

Área de Conhecimento: Ciências Biológicas.

CB012 - Avaliação do TGF- β 1 e TGF- β 3 no rim durante a progressão da insuficiência renal experimental em um modelo de reprogramação fetal

Apresentador: XAVIER, Samuel Cavalcante
Orientador: ROCHA, Laura Penna
Bolsa: CNPq
Demais Autores: PUCCI, Karla Roberta Martins; HELMO, Fernanda Rodrigues; GUIMARÃES, Camila Souza de Oliveira; REIS, Marlene Antônia dos; CORRÊA, Rosana Rosa Miranda
Instituição: UFTM
Curso: Medicina
Órgão Financiador: PIBIC/CNPq, CAPES, FUNEPU, UFTM, FAPEMIG

O conceito de reprogramação fetal propõe que modificações no ambiente onde o feto se encontra promove alterações no desenvolvimento que podem levar a doenças na idade adulta. O TGF- β é uma citocina que está envolvida com vários processos biológicos celulares como a proliferação, diferenciação, apoptose e fibrose. Sua expressão aumentada em doenças renais está relacionada à progressão da fibrose tubulointersticial e de esclerose glomerular com consequente falência renal. Vários estudos demonstram a relação entre as doenças da fase adulta, como o diabetes e hipertensão, e alterações ocorridas durante a gestação, relacionadas a vários sistemas do organismo, especialmente o renal e cardiovascular. Um trabalho demonstrou que os danos renais crônicos presentes no modelo de reprogramação fetal seriam o resultado de um processo inflamatório renal persistente, em parte mediada por moléculas pró-inflamatória. Portanto, a hipótese deste estudo é que a IR tem uma progressão mais rápida, demonstrada por uma maior intensidade das lesões renais e pela expressão aumentada de TGF- β 1 e TGF- β 3 durante a reprogramação fetal. Este trabalho tem o objetivo de avaliar o estímulo para EMT no rim durante a Insuficiência Renal em um modelo de Reprogramação Fetal através da análise da expressão de TGF- β 1 e TGF- β 3. Os ratos foram divididos nos seguintes grupos: CC (prole de ratas controles, que recebeu veículo); DC (prole de ratas diabéticas, que recebeu veículo); CA (prole de ratas controles, que recebeu solução de ácido fólico, 250 mg / kg); e DA (prole de ratas diabéticas, que recebeu ácido fólico) estes grupos foram avaliados nas idades de 2 e 5 meses. A imunoexpressão de TGF- β 1 e TGF- β 3 foi analisada no compartimento tubulointersticial renal. TGF- β 3 foi significativamente maior no grupo DA ($21,64 \pm 5,07$) em comparação aos grupos DC ($10,54 \pm 3,02$) e CA ($14,03 \pm 0,84$) com 2 meses de idade. Já na prole de 5 meses de idade, o TGF- β 3 foi significativamente maior no grupo CA ($14,37 \pm 3,59$) em comparação ao grupo CC ($5,888 \pm 4,70$) e significativamente maior no grupo DA ($16,59 \pm 1,05$) quando comparado ao grupo DC ($10,08 \pm 1,12$). TGF- β 1 foi significativamente menor no grupo DA ($21,30 \pm 4,71$) quando comparado ao grupo CA com 5 meses de idade ($34,02 \pm 6,03$). A prole de 5 meses que sofreu RF tinha uma menor capacidade de sintetizar TGF- β 1. Por outro lado, ambos os grupos que sofrem de insuficiência renal mostraram um aumento de TGF- β 3, independentemente de RF. Possivelmente houve regulação precoce de TGF- β 3, seguida de TGF- β 1. Este estudo demonstra modificações no padrão da resposta renal em relação a danos causados em indivíduos reprogramados.

Palavras-chave: Reprogramação fetal. Insuficiência renal. TGF- β .

Área de Conhecimento: Ciências Biológicas.