



Conectando vidas Construindo conhecimento



XXXIII SIC SALÃO INICIAÇÃO CIENTÍFICA

Evento	Salão UFRGS 2021: SIC - XXXIII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2021
Local	Virtual
Título	Quantificação de microRNA no encéfalo de ratos do modelo animal de autismo induzido por exposição pré-natal ao ácido valproico e análise in silico de seus alvos biológicos
Autor	LUCCA BORTOLINI TAFFAREL
Orientador	CARMEM JURACY SILVEIRA GOTTFRIED

Quantificação de microRNA no encéfalo de ratos do modelo animal de autismo induzido por exposição pré-natal ao ácido valproico e análise *in silico* de seus alvos biológicos

Lucca Bortolini Taffarel^{1,2,3}, Bruna Rabelo^{1,2,3}, Guilherme Cordenonsi^{1,2,3}, Mauro Mozael Hirsch^{1,2,3}, Iohanna Deckmann^{1,2,3}, Carmem Gottfried^{1,2,3}

1 Grupo de Estudos Translacionais do Transtorno do Espectro Autista (GETTEA), Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS). 2 Departamento de bioquímica, UFRGS. 3 Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia em Neuroimunomodulação (INCT- NIM), Rio de Janeiro, Brasil.

O Transtorno do Espectro Autista (TEA) é uma desordem do neurodesenvolvimento que possui uma prevalência de 1:54 crianças de até 8 anos de idade nos Estados Unidos. O TEA é caracterizado por uma tríade comportamental que inclui comunicação e interação social prejudicada e também a presença de comportamentos repetitivos ou estereotipados. Apesar de pouco se saber sobre sua etiologia, sabe-se que a exposição pré-natal a alguns fatores ambientais de risco, como o ácido valproico (VPA), pode contribuir para o desencadeamento do TEA. Hoje se utiliza o modelo animal de autismo induzido pela exposição pré-natal ao VPA para analisar e avaliar características comportamentais e moleculares comuns em pacientes com TEA. Existem também evidências de que alterações a nível de microRNA (miRNA) possam estar relacionadas a distúrbios do neurodesenvolvimento; portanto, a avaliação desse tipo de molécula pode ajudar a elucidar a fisiopatologia do TEA. Esse trabalho tem por objetivos (a) avaliar um conjunto de miRNA em cinco regiões encefálicas diferentes (córtex pré-frontal medial, área somatossensorial, região da amígdala, hipocampo e cerebelo) no modelo animal de autismo supracitado e (b) buscar genes alvos dos miRNA alterados, para assim estabelecer possíveis associações com a fisiopatologia do TEA (CEUA: 23884). Ratas Wistar prenhes receberam no dia embrionário 12,5 uma dose intraperitoneal de VPA (600 mg/kg) ou solução salina. No dia pós-natal 42 os animais foram eutanasiados por sobredose anestésica de cetamina (300mg/Kg) e xilazina (40mg/Kg). Após a decapitação, analisaram-se as estruturas encefálicas após a extração total de RNA e quantificação por RT-qPCR, onde encontramos alteração em 5 miRNA no modelo VPA. Por meio da análise de alvos, podemos concluir que esses miRNA alterados estão envolvidos com as vias de sinalização da mTOR e de Wnt, ambas previamente relacionadas ao TEA, permitindo uma melhor compreensão acerca da fisiopatologia deste transtorno. Agradecimentos: CAPES, CNPq, PROPESQ-UFRGS, FIPE-HCPA, INCT-NIM.