

A expressão de microRNAs no coração de camundongos é modificada pela hipertrofia cardíaca induzida pelo exercício físico voluntário.

Frick, LM; Martinelli,NC; Cohen,CR; Santos,KG; Schneider,SIR; Andrades,ME; Clausell,N; Biolo,A; Rohde,LE.

Hospital de Clínicas de Porto Alegre, Porto Alegre, RS, BRASIL e Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, BRASIL.

A hipertrofia cardíaca fisiológica (HCF) é caracterizada por alterações de expressão gênica distintas daquelas vistas na hipertrofia patológica. Atualmente, a ação dos microRNAs (miRs) tem se destacado no desenvolvimento da HC devido ao seu papel regulatório na expressão gênica. OBJETIVO: Avaliar a expressão de miRs cardíacos em camundongos submetidos ao modelo de HC induzida pelo exercício físico. Para o desenvolvimento de HC, os camundongos foram mantidos em caixas com rodas para exercício (EXE, n=32); o grupo sedentário (SED, n=24) permaneceu em caixas sem rodas. Os animais foram sacrificados após 7 e 35 dias de treino. O desenvolvimento de HC foi avaliado através da relação peso do ventrículo esquerdo /peso corporal (PVE/PC, mg/g). O perfil de expressão dos miRs foi determinado por microarranjo de microRNAs (LC Sciences; Texas, EUA). As comparações entre os grupos foram feitas por teste t de Student. RESULTADOS: Após 7 dias de treino ocorreu um aumento de 7% na relação PVE/PC nos animais EXE em relação aos SED ($3,57 \pm 0,2$ vs. $3,3 \pm 0,1$ respectivamente; $p < 0,001$) e este aumento se manteve (11%) aos 35 dias ($3,7 \pm 0,2$ vs. $3,3 \pm 0,1$; $p < 0,00001$). No microarranjo, o grupo EXE[7 dias] e o grupo EXE[35 dias] tiveram 35 miRs e 25 miRs com expressão modificada, respectivamente, em comparação aos respectivos grupos SED ($p < 0,01$ para ambas as análises). Os miRs hiperexpressos foram os miR-341* e miR-1224; os miRs hipoexpressos foram os miR-21, miR-26b, miR-150 e miR-499. CONCLUSÕES: A HCF afeta a expressão de microRNAs. Estes miRs têm como alvos genes envolvidos nos processos celulares da hipertrofia miocárdica. A confirmação destes dados por qRT-PCR pode contribuir para o entendimento molecular da adaptação cardíaca fisiológica.