



SINA BIOTEC

II SIMPÓSIO NACIONAL DE APLICAÇÕES BIOTECNOLÓGICAS

04 a 06 de Julho de 2016

www.sinabiotec.blogspot.com.br

Horizonte Científico

ISSN: 1808-3064

ANAIIS

II Simpósio Nacional de Aplicações Biotecnológicas

Revista Horizonte Científico
Volume, Suplemento, Julho 2016
ISSN: 1808-3064
Uberlândia|MG

Comissão Organizadora

COORDENADORA II SINABIOTEC

Vivian Alonso Goulart

COMISSÃO DE PATROCÍNIO

Coordenadora: Lorraine Cristina Polloni

Daniel Oliveira Silva Martins

Heitor Cappato Guerra Silva

Lorena Polloni

Thales Augusto Garcia Pelizaro

COMISSÃO DE DIVULGAÇÃO E APOIO

Coordenador: Rone Cardoso

Cristiane Angélico Duarte

Gabriela Borges Cherulli Colichio

Géssika Marçal Gomes

Isabela Lemos de Lima

Luana do Nascimento Pinto

Sâmarah Ramos Braga

COMISSÃO DE MINICURSOS

Coordenador: Nilson Nicolau Júnior

Anna Clara Rios Moço

Gustavo Galli Rocha

Isaura Beatriz Borges Silva

Layssa Carrilho Giaretta

Letícia Leandro Batista

Luanna Almeida de Oliveira

Luiza Diniz Ferreira Borges

Mariana Abilio de Moraes

Mariana Silva Vianna

COMISSÃO CIENTÍFICA

Coordenadora: Ana Paula Oliveira Nogueira

Ana Carolina de Seni Silva

Camila Perdoncini Carvalho

Isabella de Castro Silveira

Isadora Akemi Uehara

Lorena Polloni

Mônica Neli Alves

Raphael Henrique Oliveira da Silva

Renata Pereira Alves Balvedi



II SIMPÓSIO NACIONAL DE APLICAÇÕES BIOTECNOLÓGICAS



UNIVERSIDADE FEDERAL
DE UBERLÂNDIA

SECRETARIA

Coordenadora: Aline Gomes de Souza

Ana Luiza Araújo Borges

Bruna Alves Mundim Borges

Karen Ramos de Oliveira

Luana Felix Rosa

Victor Alexandre Felix Bastos

CERIMONIAL

Ana Carolina de Seni Silva

Gustavo Augusto Ávila

Raphael Henrique Oliveira da Silva

Apresentação

A Biotecnologia é uma área interdisciplinar fortemente ligada à pesquisa científica e tecnológica que tem como principal objetivo desenvolver processos e produtos utilizando agentes biológicos.

No Brasil, a Biotecnologia faz parte das principais linhas de Pesquisa, Desenvolvimento e Inovação em áreas consideradas estratégicas pelo Ministério de Ciência, Tecnologia e Inovação (MCTI).

O II Simpósio Nacional de Aplicações Biotecnológicas (SINABIOTEC) reunirá cientistas e profissionais das diferentes áreas da Biotecnologia trazendo temas atuais e possibilitando estabelecer fortes colaborações em projetos de pesquisa e parcerias com grandes empresas da área. O evento consistirá de palestras técnicas, minicursos práticos e teóricos e apresentação de resultados de pesquisas realizados pelos acadêmicos.

Profa. Dra. Vivian Alonso Goulart
Coordenadora do Evento

Programação

Universidade Federal de Uberlândia, Anfiteatro Bloco 8C,
Campus Umuarama, 04 a 06 de Julho de 2016

Dia 04/07/2016:

08:00 às 09:00: Palestra de Abertura - Panorama Geral da Biotecnologia

Palestrante: Dra. Maria Fátima Grossi de Sá (Diretora Presidente da Sociedade Brasileira de Biotecnologia)

09:00 às 09:50: Integrando genômica funcional e biotecnologia para melhorar tolerância de plantas ao seu meio biótico e abiótico

Palestrante: Dra. Elizabeth Pacheco Batista Fontes (UFV)

09:50 às 10:10: Coffee Break

10:10 às 11:00: Biotecnologias de reprodução assistida e melhoramento genético animal

Palestrante: Dr. Maurício Machaim Franco (CENARGEM – EMBRAPA)

11:00 às 11:50: Palestra Técnica: Avanços na pesquisa em biologia celular e na descoberta de novos fármacos com a tecnologia de High-Content Screening

Palestrante: Dra. Luciane Ganiko (MOLECULAR DEVICES)

11:50 às 14:00: Intervalo (Almoço)

14:00 às 15:40: Minicursos

15:40 às 16:00: Coffee Break

16:00 às 18:00: Minicursos

Dia 05/07/2016:

08:00 às 09:00: Desenvolvimento de novos radiofármacos
Palestrante: Dra. Simone Odília Antunes (UFMG)

09:00 às 09:50: Papel de células tronco na regeneração cardíaca

Palestrante: Dr. Valdo José Dias da Silva (UFTM)

09:50 às 10:10: Coffee Break

10:10 às 11:00: Segurança alimentar e ambiental de plantas transgênicas

Palestrante: Dr. Aulus Estevão Anjos de Deus Barbosa (UFU)

11:00 às 11:50: Detecção e caracterização de flavivírus em larvas de mosquitos dos gêneros *Aedes* e *Culex* (Diptera, Culicidae) na cidade de Patos de Minas, MG

Palestrante: Dr. Guilherme Ramos Oliveira e Freitas (UFU)

11:50 às 14:00: Intervalo (Almoço)

14:00 às 15:40: Minicursos

15:40 às 16:00: Coffee Break

16:00 às 18:00: Minicursos

Dia 06/07/2016:

08:00 às 09:00: Palestra Técnica: Ensaio de atividade biológica *in vivo* like - Uma nova fronteira em experimentação *in vitro* (FIELD APPLICATIONS SCIENTIST, MERCK)

Palestrante: Dr. Matheus Correa Costa

09:00 às 09:50: Palestra Técnica: Jasmonatos - Bioprodução e suas potenciais aplicações na agricultura e saúde. (GOLD LAB)

Palestrante: Dra. Miriam Verginia Lourenço (UNAERP)

09:50 às 10:10: Coffee Break

10:10 às 11:00: Palestra Técnica: Ferramentas para a biotecnologia. (AFFYMETRIX)

Palestrante: MSc. Fernando Nodari

11:00 às 11:50: Palestra Técnica: Técnicas de pipetagem (KASVI)

Palestrante: Assessora Científica Arislaine Nogueira

11:50 às 13:30: Intervalo (Almoço)

13:30 às 14:00: Biologia de Sistemas e Espectrometria de Massas: Caracterização e quantificação de metabólitos e peptídeos

Palestrante: Gustavo Souza (Cientista Sênior)

14:00 às 16:00: Apresentação e avaliação de painéis

17:00 : Encerramento e premiação dos painéis

MINICURSOS

Minicurso 1: Animais de laboratório, criação e experimentação (Teórico)

Ministrante: MSc. Murilo Vieira da Silva (ICBIM)

Carga Horária: 8 h

Local: Bloco 8C – Sala 100

Vagas: 20

Minicurso 2: Biotecnologia aplicada a reprodução animal:
Produção de embriões *in vitro* (Teórico / Prático)

Ministrante: Dr. Gustavo Macedo (FAMEV)

Carga Horária: 8 h

Local: Bloco 8C – Sala 119 e Laboratório de
Reprodução Animal (Bloco 2E – Sala 206)

Vagas: 15

Minicurso 3: Produção e aplicações dos anticorpos
monoclonais (Teórico / Prático)

Ministrante: Dr. João Paulo Servato (INGEB)

Carga Horária: 8 h

Local: Bloco 8C – Sala 121 e Laboratório de
Ensino de Biotecnologia

Vagas: 15

Minicurso 4: Proteômica: rumo a análises de sistemas
biológicos (Teórico)

Ministrante: Dra. Paula de Souza Santos (INGEB)

Carga Horária: 4 h

Local: Bloco 8C – Sala 102

Vagas: 20

Minicurso 5: Plantas Transgênicas (Teórico)

Ministrante: Dra. Hebréia Oliveira Almeida
(INGEB)

Carga Horária: 4 h

Local: Bloco 8C – Sala 103

Vagas: 20

**Minicurso 6: Antibióticos X Bactérias: A corrida do século
(Teórico / Prático)**

Ministrantes: Msc. Bruna Fuga Araújo (ICBIM);
Msc. Melina Lorraine Ferreira (ICBIM); Msc. Paola Amaral
de Campos (ICBIM); MSc. Sabrina Royer (ICBIM).

Carga Horária: 8 h

Local: Laboratório de Microbiologia (Bloco 4C –
Sala 215)

Vagas: 20

**Minicurso 7: PCR: Aplicações biotecnológicas (Teórico /
Prático)**

Ministrante: Msc. Aline Gomes de Souza (INGEB)

Carga Horária: 8 h

Local: Bloco 8C – Sala 213 e Laboratório de
Ensino de Biotecnologia

Vagas: 20

Minicurso 8: Princípios de citometria de fluxo e suas aplicações (Teórico)

Ministrante: Dra. Lara Vecchi (INGEB)

Carga Horária: 4 h

Local: Bloco 8C – Sala 105

Vagas: 20

Minicurso 9: Prospecção de biotecnologias nos bancos de dados de patentes (Teórico)

Ministrante: Dra. Fabiana Regina Grandaux de Melo (Agência Intelecto)

Carga Horária: 4 h

Local: Bloco 8C – Sala 107

Vagas: 20

Minicurso 10: Métodos em modelagem de proteínas e métodos computacionais em desenho de fármacos (Teórico / Prático)

Ministrante: Dr. Nilson Nicolau Júnior (INGEB)

Carga Horária: 8 h

Local: Bloco 8C – Laboratório de Informática 3

Vagas: 30

Minicurso 11: Análise Estatística – Programa GENES
(Teórico / Prático)

Ministrante: Dra. Ana Paula Oliveira Nogueira
(INGEB)

Carga Horária: 8 h

Local: Bloco 8C – Laboratório de Informática 2

Vagas: 20

Minicurso 12: Biotecnologia de prognóstico e diagnóstico
de biomarcadores salivares (Teórico / Prático)

Ministrante: Dr. Leonardo Gomes Peixoto
(INGEB)

Carga Horária: 8 h

Local: Bloco 2E – Sala 237 (Laboratório de
Bioquímica e Biologia Molecular)

Vagas: 12

Minicurso 13: Biotecnologia aplicada a pesquisa de diabetes, estresse oxidativo e produtos naturais: plantas medicinais e frutos do cerrado (Teórico / Prático)

Ministrante: Msc. Danielle Diniz Vilela (INGEB)

Carga Horária: 8 h

Local: Bloco 2E – Sala 237 (Laboratório de Bioquímica e Biologia Molecular) e Bloco 6T – Sala 06 (Laboratório de Biomoléculas)

Vagas: 6

Minicurso 14: Utilização do modelo animal *C. elegans* como ferramenta de pesquisa (Teórico / Prático)

Ministrante: Victor Alexandre Felix Bastos

Carga Horária: 8 h

Local: Bloco 2E – Sala 248 (Laboratório de Nanobiotecnologia)

Vagas: 6



SINA
BIOTEC

II SIMPÓSIO NACIONAL DE APLICAÇÕES BIOTECNOLÓGICAS



UNIVERSIDADE FEDERAL
DE UBERLÂNDIA

ANAIS

Resumos Simples

ÁREA I: BIOINFORMÁTICA

IDENTIFICAÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DE miRNAs MADUROS E SEUS PRECURSORES NO GENOMA E TRANSCRIPTOMA DE *Solanum pennellii*

Núbia Carolina Pereira Silva¹; Thaís Cunha de Sousa Cardoso¹; Tamires Caixeta Alves¹; Douglas dos Reis¹; Carolina Milagres Caneschi¹; Luiz Antônio Augusto Gomes²; Laurence Rodrigues do Amaral¹; Wilson Roberto Maluf²; Matheus de Souza Gomes¹

¹Laboratório de Bioinformática e Análises Moleculares, Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, Campus Patos de Minas, MG, Brasil.

²Departamento de Agricultura, Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, Brasil.

E-mail do autor correspondente: nubia-cps@hotmail.com

Solanum pennellii é uma espécie selvagem de tomate que se desenvolve em ambientes áridos do Peru. Ela possui tolerância genética a diferentes estresses bióticos e abióticos, sendo assim uma fonte de germoplasma para outras espécies cultivadas, como o *Solanum lycopersicum*. Embora se conheça muito sobre a biologia de *S. pennellii*, pouco se sabe sobre pequenos RNAs envolvidos no controle da expressão gênica no organismo, como os microRNAs (miRNAs). Os miRNAs direcionam a repressão transcricional de mRNAs em diferentes estágios, controlando o crescimento e desenvolvimento das partes vegetativas. Desta forma, o objetivo do trabalho foi buscar e caracterizar miRNAs e seus precursores no genoma e transcriptoma de *S. pennellii*. Utilizando um algoritmo com uma série de filtros inclusivos e exclusivos foi possível identificar, a partir do genoma de *S. pennellii*, sequências que possuíam prováveis estruturas secundárias em forma de grampo. Após a filtragem dessas sequências utilizando parâmetros estruturais e termodinâmicos, foram feitas análises adicionais para comparar os prováveis pré- miRNAs com os seus respectivos ortólogos. As sequências foram submetidas a um alinhamento múltiplo pelo programa ClustalX 2.0 e, em seguida, elas passaram pela análise filogenética conduzida pelo Mega5. Foram identificadas e caracterizadas 393 miRNAs maduros, 239 precursores em 90 famílias de miRNAs em *S. pennellii*, entre elas miR160, miR162, miR164, miR166, miR168, miR390, miR394, miR396, miR397 e miR403. Os miRNAs mostraram conservação estrutural ao nível primário e secundário através do alinhamento múltiplo e a análise filogenética corroborou com a árvore da vida. Os resultados obtidos expandem o estudo dos miRNAs, proporcionando novos desafios para a busca de tecnologias para o controle do silenciamento de genes importantes em espécies de Solanaceae.

Palavras-chave: Tomate selvagem, Pequenos RNAs, Algoritmo.

Fomento: FAPEMIG, CNPq e CAPES.

IDENTIFICAÇÃO E ANÁLISE DE GENES DE RESISTÊNCIA A SECA EM ABACAXI (*Ananas comosus* (L.) Merrill)

Isabelle Ponciano Almeida¹; Aulus Estevão Anjos de Deus Barbosa¹

¹Laboratório de Engenharia Genética Vegetal, INGEB, UFU, Campus Patos de Minas, MG.
E-mail do autor correspondente: isabelle_ptu@hotmail.com

A seca é um dos problemas que mais causam prejuízos econômicos para a agricultura brasileira, prejudicando o desenvolvimento e a produtividade dos vegetais. Portanto, a busca por genes de resistência à seca pode ser útil no desenvolvimento de plantas transgênicas resistentes a esse fator ambiental. Neste sentido, a planta de abacaxi (*Ananas comosus* (L.) Merrill) é uma espécie que resiste a carência de água, e pode apresentar em seu genoma diversos genes de resistência à seca. Atualmente, diversos genes são conhecidos por conferir resistência a seca, e entre eles podemos ressaltar os genes da família AP2/ERF. As proteínas DREB são fatores de transcrição que se aderem a sequências de DNA presentes em regiões promotoras de genes induzindo a expressão durante a desidratação. Genes induzidos pelo déficit hídrico promovem alterações no potencial osmótico celular para aumentar a absorção de água, entre outros benefícios. A identificação dos genes no genoma foi feita usando ferramentas da bioinformática. Inicialmente as sequências de proteínas AP2/ERF, previamente caracterizadas em arroz (*Oryza sativa*), foram utilizadas em alinhamento local (tBlastn) contra os genes do genoma de abacaxi usando o Bioedit. Em seguida, o domínio conservado AP2/ERF foi confirmado por análises do Blast2Go. Foram identificados 75 genes no genoma de abacaxi apresentando o domínio AP2/ERF. Estes genes foram classificados em diferentes subfamílias usando análises filogenéticas. Portanto, podemos concluir que o genoma de *A. comosus* possui diversos genes de resistência a seca que podem ser utilizados em programas de melhoramento via transformação genética de plantas.

Palavras-chave: DREB, AP2/ERF, *Ananas comosus*.

ANÁLISE PRELIMINAR DA VIA DE BIOSÍNTESE DE miRNAs EM *Solanum pennellii*

Ailton Pereira da Costa Filho¹; Tamires Caixeta Alves¹; Thaís Cunha de Sousa Cardoso¹; Carol Milagres Caneschi¹; Douglas dos Reis Gomes Santana¹; Laurence Rodrigues do Amaral¹; Wilson Roberto Maluf²; Matheus de Souza Gomes¹

¹Laboratório de Bioinformática e Análises Moleculares, Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, Campus Patos de Minas, MG, Brasil.

²Departamento de Agricultura, Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, Brasil.

E-mail do autor correspondente: ailtonpcf@gmail.com

Solanum pennellii é uma espécie selvagem de tomate que se desenvolve em ambientes áridos do Peru, possui tolerância genética a diferentes estresses abióticos e bióticos, sendo assim uma fonte de germoplasma para outras espécies. Embora já se conheça sobre a biologia de *S. pennellii*, pouco se sabe sobre classes de pequenos RNAs envolvidos na regulação da expressão gênica no organismo. Dentre estes pequenos RNAs, destacam-se os microRNAs (miRNAs) por importante função na regulação da expressão gênica. Existem múltiplas proteínas que coordenam a geração destas pequenas moléculas e entre elas as que mais se destacam são Dicer (DCL), Argonauta (AGO), e RNA polimerase dependente de RNA (RDR). Este estudo objetivou identificar e caracterizar as proteínas centrais da via de processamento de miRNAs AGO, DCL e RDR no genoma e transcriptoma de *S. pennellii*. Os bancos de dados utilizados para busca das sequências de *S. pennellii* bem como suas ortólogas foram NCBI e Phytozome v10.3. Para busca de domínios conservados foi utilizado o Pfam e para busca de sítios ativos o banco de dados CDD. Para realização do alinhamento global foi utilizado o programa Clustalx 2.1 e construção das logos o programa Weblogo. Foi possível identificar 16 isoformas de 7 prováveis proteínas AGO, 11 isoformas de 4 prováveis proteínas DCL e 4 isoformas de 3 prováveis proteínas RDR. As proteínas encontradas foram altamente conservadas ao nível de aminoácidos, principalmente nos domínios conservados e em posições críticas na proteína, como os sítios ativos. A análise filogenética mostrou similaridade de acordo com a árvore da vida. Dado o importante papel dos pequenos RNAs em plantas, o estudo das proteínas centrais da via de seu processamento de miRNAs poderá facilitar a compreensão de processos essenciais na biologia de *S. pennellii*. Os resultados expandem o estudo da biologia molecular em *S. pennellii* proporcionando novos desafios para o controle do silenciamento de genes importantes espécies de Solanaceae.

Palavras-chave: miRNAs, *S. pennellii*, Bioinformática.

Fomento: CNPq.

IDENTIFICAÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DA PROTEÍNA AIF RELACIONADA À VIA DE APOPTOSE DO FUNGO *Aspergillus fumigatus*

Rafaella Martins Alves¹; Natália Silva da Trindade¹; Matheus de Souza Gomes¹; Enyara Rezende Morais¹

¹Laboratório de Bioinformática e Análise Molecular, Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, Campus Avançado de Patos de Minas, Patos de Minas, MG

E-mail do autor correspondente: faella803@hotmail.com

Aspergillus fumigatus é um fungo filamentosos causador da aspergilose pulmonar invasiva, considerada à patologia mais grave dentre as causadas pelo gênero *Aspergillus*. A apoptose, denominada morte celular programada, é responsável por manter a homeostase do organismo. Em fungos, há estudos que indicam sua ocorrência, porém não está totalmente elucidada e compreendida. Portanto, o estudo desta via mostra-se promissor para a seleção de possíveis alvos moleculares para novos fármacos. O objetivo deste estudo foi identificar e caracterizar o fator de indução de apoptose (AIF) em *A. fumigatus* visando sua utilização como provável alvo molecular para o desenho de novas drogas antifúngicas. A identificação e caracterização foi realizada através de análises de bioinformática utilizando BLAST, PFAM, ClustalW e MEGA 5.0. AIF é descrita em *Homo sapiens* como sendo uma flavoproteína, que quando transferida para o núcleo induz a condensação da cromatina e degradação de DNA em grande escala. No fungo, a proteína_Afu7g02070 foi selecionada como homólogo de AIF. Essa proteína é composta por um domínio Rieske_AIFL_N apresentando semelhanças significativas com AIF humano. Também foram encontrados os domínios de ligação ao NADH e FAD, Pyr_redox e Pyr_redox 2 e Reductase_C. Este último está envolvido na dimerização da proteína além de ser responsável pela interação com o domínio Rieske. Filogeneticamente, AIF se mostrou conservada na família Aspergillaceae e mais próxima evolutivamente dos eucariotos superiores. Pouco ainda se sabe sobre a via de apoptose em *A. fumigatus*, mais estudos são necessários para esclarecer a função de AIF assim como para melhor compreensão dessa via tão complexa.

Palavras-chave: *Aspergillus fumigatus*, AIF, Apoptose. Bioinformática.

Fomento: FAPEMIG

SELEÇÃO *IN SILICO* DE EPÍTOPOS DE *Strongyloides stercoralis* COM POTENCIAL VACINAL PARA CONTROLE DA ESTRONGILOIDÍASE

José Eduardo Neto de Sousa¹; Renata Araújo Cunha¹; Arlindo Gomes de Macêdo Junior²; Julia Maria Costa-Cruz¹

¹Laboratório de Diagnóstico de Parasitoses, Instituto de Ciências Biomédicas, Universidade Federal de Uberlândia, Av. Pará 1720, 38400-902, Uberlândia, MG, Brasil.

²Universidade Federal do Oeste da Bahia, Barreiras, BA, Brasil.

E-mail do autor correspondente: jnetodesousa@yahoo.com.br

Estudos de bioinformática e predição de peptídeos favorecem a descoberta de alvos vacinais, diminuindo gastos e tempo de desenvolvimento. A estrongiloidíase é uma parasitose tropical em condições de negligenciamento podendo ser fatal em indivíduos imunossuprimidos. O objetivo deste estudo foi descrever potenciais peptídeos com possíveis alvos vacinais para utilização em modelos de infecção experimental. Neste estudo, realizou-se busca de proteínas de *Strongyloides stercoralis* através do banco de dados NCBI-*Protein*, identificação de peptídeo sinal em SignalP 4.1 *Server*, predição de peptídeos para células B pelo *Immune Epitope Database and Analysis Resource* e predição de peptídeos de alta afinidade para MHC II por MHC2Pred. Adicionalmente, modelagem tridimensional das proteínas foram realizadas por I-TASSER e validação por PROCHECH e VERYFI3D. Das 62 proteínas encontradas no NCBI-*Protein* foram selecionadas “*Insulin-like receptor protein tyrosine kinase isoform A*” (Ss-daf-2a) presente em todas as fases de vida do parasito e “*isoform B*” (Ss-daf-2b) presente apenas na fase de parasitismo. A proteína Ss-daf-2a apresentou 62% de peptídeos com antigenicidade, 33% de acessibilidade, 33% de linearidade, 50% de flexibilidade, 50% de hidrofiliçidade e 48% com características *beta-turn*. A Ss-daf-2b demonstrou 62% de peptídeos com antigenicidade, 31% de acessibilidade, 34% de linearidade, 52% de flexibilidade, 62% de hidrofiliçidade e 50% com características *beta-turn*. A partir das análises de predição de epítomos de célula B, foram selecionados 2 peptídeos de cada proteína com elevada antigenicidade e acessibilidade possuindo também elevada afinidade para MHC II. Ao analisar a validação da estrutura tridimensional ambos os peptídeos demonstraram ser acessíveis nas superfícies proteicas. Concluiu-se que os peptídeos selecionados das proteínas Ss-daf-2a e Ss-daf-2b foram adequados para formulações vacinais em modelo de infecção experimental.

Palavras-chave: Vacinologia reversa, Banco de dados; Peptídeos, *Strongyloides stercoralis*.

Fomento: CAPES; FAPEMIG; CNPq.

DETECÇÃO DE MENORES NÍVEIS TRANSCRICIONAIS DO GENE *TNRC6A* EM PACIENTES COM CÂNCER DE MAMA

Raiane Aparecida Dos Santos Machado¹; Sara Teixeira Soraes Mota¹; Larissa Vargas¹; Alinne Tatiane Faria Silva²; Luiz Ricardo Goulart²; Thaise Gonçalves Araújo¹

¹Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, Patos de Minas, MG, Brasil.

²Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG, Brasil.

E-mail do autor correspondente: machado.raiane@hotmail.com

O câncer de mama (CM) é o câncer mais comumente diagnosticado entre as mulheres no mundo ocidental e é a principal causa de morte por câncer feminino. A busca de marcadores tumorais na avaliação desses tumores tem se estabelecido como crucial na busca de alternativas para o acompanhamento clínico das pacientes. Anos atrás, uma nova classe de moléculas, pequenos RNAs não codificadores de proteínas, foi encontrado envolvido na carcinogênese, estes pequenos RNAs são chamados de microRNAs (miRNAs). Sugere-se que as perturbações na expressão de miRNA facilitem as vias envolvidas na progressão do câncer. O gene *TNRC6A* tem sido descrito associado as vias de miRNA, podendo regular os níveis transcricionais de alvos envolvidos na tumorigênese, o que os tornam importantes alvos na compreensão da doença. Há estudos com o objetivo de detectar a presença do gene *TNRC6A* em células cancerosas de próstata e esôfago, onde não foi observado a sua presença em células normais, no entanto, estava presente em células alteradas. O presente estudo objetivou avaliar a expressão de transcritos do gene *TNRC6A* e sua correlação com a ocorrência e progressão de CM. Foi analisado, por qPCR, os níveis de mRNA de 45 pacientes que recorreram à mastologia do hospital de clínicas da Universidade Federal de Uberlândia com alterações mamárias (21 com CM e 24 com doença benigna da mama). Verificou-se uma maior expressão de *TNRC6A* em pacientes com doença benigna da mama e, entre aquelas com tumor maligno, o gene apresentou-se mais expresso em mulheres com marcadores clínicos de melhor prognóstico. Portanto, o *TNRC6A* correlaciona-se com estágios iniciais da doença, podendo ser usado para prever a evolução e gravidade do CM, o que torna possível a escolha do tratamento mais eficaz.

Palavras-chave: Câncer de mama, miRNA, *TNRC6A*.

Fomento: CAPES; FAPEMIG; CNPq.

TRIAGEM VIRTUAL DE COMPOSTOS CONTRA A PROTEÍNA C DO Mayaro virus PARA A CONCEPÇÃO DE ANTIVIRAIS

Priscila Gonçalves Ferreira¹; Jenyfer Emanuelle Figueiredo¹; Ariane Coelho Ferraz¹; Alex Gutterres Taranto²; Cíntia Lopes de Brito Magalhães³; Jaqueline Maria Siqueira Ferreira⁴; José Carlos Magalhães¹

¹Laboratório de Biologia Molecular e Celular, Universidade Federal de São João Del Rei, Ouro Branco, MG.

²Laboratório de Farmacologia e Química Medicinal, Universidade Federal de São João Del Rei Divinópolis, MG.

³Laboratório de Biologia e Tecnologia dos Micro-organismos, Universidade Federal de Ouro Preto, Ouro Preto, MG.

⁴Laboratório de Microbiologia, Universidade Federal de São João Del Rei Divinópolis, MG.
E-mail do autor correspondente: priscila.goncalves@ufsj.edu.br

A febre Mayaro, causada pelo Mayaro virus (MAYV), é uma doença subletal ao homem. Os sintomas de artralgia, associados a infecções por esse vírus, podem causar uma deficiência altamente incapacitante, similar à causada por Chikungunya virus. Nos últimos anos, têm sido amplamente documentados surtos em áreas metropolitanas e, até o presente momento, não há terapia disponível. Nesse sentido, este trabalho objetivou realizar a metodologia de Triagem Virtual utilizando o modelo tridimensional da proteína C de MAYV como alvo para o desenvolvimento de fármacos antivirais. Previamente, o modelo da proteína C de MAYV foi construído utilizando a proteína C de Aura virus complexada com dioxano como molde. Inicialmente, transferiu-se o dioxano para a proteína C de MAYV por meio do programa Discovery Studio 3.1. Em seguida, utilizando o programa AutoDock foi construída uma caixa centrada nesse ligante de modo a delimitar a região na qual as moléculas seriam ancoradas. A fim de validar a metodologia, realizou-se o re-docking, que consistiu em ancorar o dioxano na região delimitada pela caixa e sobrepor a conformação obtida para esse ligante à conformação cristalizada. As moléculas obtidas a partir do banco de dados ZINC e da literatura foram ancoradas a proteína C utilizando-se o framework Octopus 1.0. A caixa foi definida como um cubo com dimensões de 14x14x14 Å e coordenadas X, Y e Z -23.833, 11.281 e -9.142 respectivamente. A sobreposição das conformações do dioxano forneceu o valor de RMSD de 1,92 Å, validando a metodologia. O valor obtido para energia de ligação do dioxano foi de -2,8Kcal/mol. Um total de 783 moléculas foram ancoradas à proteína C, sendo que 8 moléculas, pertencentes a mesma classe química, apresentaram favorável energia de ligação em torno de -7.0Kcal/mol. Estes resultados apontam moléculas promissoras a antivirais, uma vez que estas possuem afinidade a um sítio da proteína a qual acredita-se interagir a proteína E2 para a promoção do brotamento viral.

Palavras-chave: Mayaro vírus, antivirais, Triagem Virtual.

Fomento: CNPq e FAPEMIG.

ANÁLISE BIOINFORMÁTICA DO GENE INDUZIDO EM CANA-DE-AÇÚCAR (*Saccharum* sp.) S-ADENOSYLMETHIONINE DECARBOXYLASE

Jóice de Oliveira Leite Silva¹; Renan Gonçalves da Silva²; Luana Jandhy Mantovanini²; Thiago Mateus Rosa dos Santos²; Sonia Marli Zingaretti¹

¹Universidade de Ribeirão Preto – UNAERP, Ribeirão Preto, SP.

²Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” - UNESP, Jaboticabal, SP.

E-mail do autor correspondente: joiceleite.jo@gmail.com

O estudo de genes que sejam induzidos ou regulados por estresses bióticos e abióticos contribui de forma expressiva para elucidar a funcionalidade destes, favorecendo pesquisas que visam entender o seu papel biológico e as rotas de defesa das plantas. Desse modo, o objetivo do trabalho foi caracterizar por ferramentas da bioinformática o gene induzido em cana-de-açúcar *SAM* (S-adenosylmethionine decarboxylase), visando estudos de expressão em plantas transformadas sob estresse por deficiência hídrica. Para confirmação da sequência completa do gene *SAM* realizou-se o sequenciamento do clone, esse resultado foi submetido à análise de bioinformática (BLASTX e ORF Finder) para confirmação da região codificadora. A sequência de aminoácidos foi submetida às análises de alinhamento local EMBOSSwater e filogenética pelo Clustal Omega, para identificação de similaridades da proteína *SAM* de cana-de-açúcar com outras plantas. O sequenciamento resultou em uma sequência de 1.145bp, identificando-se a sequência codificadora de 363bp (NCBI Acc. No. CA127376.1) correspondente ao cDNA do cultivar de cana-de-açúcar SP80-3280 (NCBI Acc. No. SCCCLR2C02A12) e a sequência da proteína de 121 aminoácidos. Observou-se que a proteína apresenta alto conteúdo de Leucina (10,74%), Glicina (10,74%), Alanina (9,09%) e Glutamato (9,09%). A sequência de aminoácidos apresenta alta similaridade com plantas monocotiledôneas como *Sorghum bicolor* (94%), *Zea mays* (82%), *Setaria italica* (81%), *Cleistogenes songorica* (75%), e similaridades abaixo de 35% com dicotiledôneas como *Arabidopsis thaliana* e *A. lyrata*. A árvore filogenética indica que as dicotiledôneas encontram-se em um clado mais distante, com a proteína *SAM* de cana-de-açúcar associada em um mesmo clado a de sorgo, e próximo do milho. Com isso, a subsequente análise funcional do gene *SAM* induzido em cana-de-açúcar permite-nos estabelecer programas de melhoramento genético de espécies de interesse agro econômico como a cana-de-açúcar, sorgo e milho.

Palavras-chave: Caracterização, Melhoramento genético, *SAM*.

Fomento: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo – FAPESP

CARACTERIZAÇÃO *IN SILICO* DE GENES RELACIONADOS À VIA SUMO DO FUNGO *Aspergillus fumigatus*

Tamara Marques da Silva¹; Juliana da Silva Viana¹; Enyara Rezende Moraes¹

¹Laboratório de Bioinformática e Análise Molecular, Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, Campus Avançado de Patos de Minas, Patos de Minas, MG, Brasil.

E-mail do autor correspondente: tamara_marques_silva@hotmail.com

Aspergillus fumigatus é um fungo saprófita e oportunista que pode causar a aspergilose invasiva pulmonar, com elevadas taxas de mortalidade, mesmo após a administração de terapia antifúngica e principalmente em pacientes imunocomprometidos. As principais razões apontadas para o fracasso do tratamento incluem: baixa biodisponibilidade dos fármacos e a resistência de algumas cepas de aos antifúngicos disponíveis. Há várias vias de sinalização que podem ser importantes para o processo infeccioso de *A. fumigatus*, como a via Sumo, ainda não caracterizada neste patógeno. Esta é essencial para manter a homeostase quando a célula se encontra em estresse endógeno ou ambiental, tais como choque térmico, falta de nutrientes, ou estresse osmótico. Além disso, tem funções importantes em outros processos celulares como a reparação do DNA, transcrição e divisão celular. O objetivo deste estudo foi caracterizar *in silico* a via Sumo de *A. fumigatus* à procura de alvos potenciais para novos fármacos. A busca dos genes associados à via Sumo foi realizada no banco de dados genômico do fungo e no NCBI. A sequência das proteínas foi analisada no banco de dados Pfam para busca de domínios. A sequência gênica e proteica de vários fatores relacionados ao sumo foram encontradas, dentre eles: Smt3 (Afu1g10850) e Ulp1 (Afu5g14040). Domínios altamente conservados entre os ortólogos específicos de cada proteína foram encontrados, Rad60-SLD Family (PF11976.5) na Smt3 e Peptidase_C48(PF02902.16) na Ulp1. A partir destas análises, é possível concluir que a via Sumo está presente em *A. fumigatus* e que deve ser estudado mais a fundo para a seleção de novos alvos potenciais para fármacos. Além disso, mais estudos são necessários para elucidar vários aspectos que permanecem obscuros em relação a esta via e sua possível relação com a patogenicidade do fungo.

Palavras-chave: *Aspergillus fumigatus*, Sumo, Bioinformática.

MODELAGEM POR HOMOLOGIA DA PROTEÍNA DO CAPSÍDEO DO *Chikungunya virus* PARA PROSPECÇÃO DE ANTIVIRAIS

Erika Aparecida Portis Justino¹; Priscila Gonçalves Ferreira¹; Jenyfer Emanuelle Figueiredo¹; Alex Gutterres Taranto²; Cíntia Lopes de Brito Magalhães³; José Carlos de Magalhães¹

¹Laboratório de Biologia Molecular e Celular, Universidade Federal de São João del-Rei, Ouro Branco, MG.

²Laboratório de Farmacologia e Química Medicinal, Universidade Federal de São João del-Rei, Divinópolis, MG.

³Laboratório de Biologia e Tecnologia dos Micro-organismos, Universidade Federal de Ouro Preto, Ouro Preto, MG.

E-mail do autor correspondente: erika.aparecida.justino@hotmail.com

A febre chikungunya, causada pelo *Chikungunya virus* (CHIKV) é associada a severas artralgias e baixas com efeitos socioeconômicos. No Brasil já foram notificados 3.657 casos autóctones, sendo 2.772 confirmados. Não há vacina ou tratamento específico disponível até o momento. Nesse contexto, a validação de alvos antivirais torna-se de grande importância. Uma das proteínas do vírus, constituinte do capsídeo, é alvo promissor para o desenvolvimento de antivirais. No entanto, sua estrutura tridimensional não está disponível na literatura. Assim, o objetivo desse trabalho foi modelar a proteína do capsídeo do CHIKV por meio de modelagem por homologia, a fim de auxiliar na prospecção de antivirais. Para isso, realizou-se a busca por moldes utilizando o *software* Blast com base na sequência primária da proteína do capsídeo obtida em banco de genes (NCBI), e os alinhamentos molde-alvo com identidade superior a 50% foram utilizados para construção de modelos por meio do programa Swiss-Model. A qualidade dos modelos foi avaliada pelo Desvio Quadrático Médio (RMSD), pela Análise Qualitativa da Energia do Modelo (QMEAN), gráfico de Ramachandram e gráfico ANOLEA. Pelo alinhamento, foram obtidos 14 moldes, sendo apenas o molde 4UON adequado para estudos de *docking* por apresentar um ligante cristalográfico em sua estrutura. Os resultados obtidos para o modelo construído a partir desse molde confirmaram sua qualidade, uma vez que o valor para o RMSD foi de 0,24 Å, para o QMEAN de -1.91 e que 98% dos resíduos de aminoácidos se encontravam em regiões permitidas, e apenas 2% em regiões não favoráveis, conforme gráfico de Ramachandram. Adicionalmente, o gráfico ANOLEA mostrou energia favorável ao modelo, uma vez que a maioria dos resíduos de aminoácidos se encontrava em zonas de baixa energia. Dessa forma, o modelo 3D construído da proteína do capsídeo mostrou qualidade favorável, e viabilidade para aplicação em estudos de triagem virtual de compostos antivirais para o CHIKV.

Palavras-chaves: *Chikungunya virus*, Triagem virtual, Modelagem por homologia.

Fomento: FAPEMIG, CNPq e UFSJ.

MODELAGEM POR HOMOLOGIA E DINÂMICA MOLECULAR DA PROTEÍNA NÃO ESTRUTURAL *nsP3* DO Mayaro virus

Jenyfer Emanuelle Figueiredo¹; Priscila Gonçalves Ferreira¹; Ariane Coelho Ferraz¹; Alex Gutterres Taranto²; Cíntia Lopes de Brito Magalhães³; Jaqueline Maria Siqueira Ferreira⁴
José Carlos de Magalhães¹

¹Laboratório de Biologia Molecular e Celular, Departamento de Química, Biotecnologia e Engenharia de Bioprocessos (DQBIO), *Campus* Alto Paraopeba, UFSJ, Ouro Branco, MG.

²Laboratório de Farmacologia e Química Medicinal, *Campus* Centro-Oeste Dona Lindu, UFSJ, Divinópolis, MG.

³Laboratório de Biologia e Tecnologia de Microrganismos, Departamento de Ciências Biológicas (DCB), UFOP, Ouro Preto, MG.

⁴Laboratório de Microbiologia, *Campus* Centro-Oeste Dona Lindu, UFSJ, Divinópolis, MG.
E-mail do autor correspondente :jenyferfigueiredo@gmail.com

O Mayaro virus (Togaviridae) causa a Febre Mayaro, a qual é associada a severas artralgias, e confundida com Dengue e Chikungunya. O vírus é endêmico em áreas rurais, transmitido pelo *H. janthinomys*. Porém, estudos indicam que o *A. aegypti* é seu vetor potencial, portanto, em áreas urbanas. Não há vacina ou antivirais ao Mayaro, e não estão descritas estruturas 3D de suas proteínas para atuarem alvos antivirais. A proteína viral *nsP3* atua na síntese do mRNA e transporte de componentes virais, sendo boa candidata. Dessa forma, o objetivo desse trabalho foi obter modelo 3D para *nsP3* como alvo à busca de antivirais. A estrutura 3D da *nsP3* foi obtida por meio de modelagem por homologia via SWISS-MODEL (SM). A qualidade do modelo foi avaliada pelo Gráfico de Ramachandran (GR), feita no Rampage. A análise qualitativa da energia do modelo (QMEAN) via SM, e o RMSD foi obtido no Discovery Studio Visualizer. Por fim, realizou-se a simulação de dinâmica molecular (DM) para descrever a dinâmica conformacional da proteína e confirmar sua estabilidade. O modelo foi submetido ao cálculo de minimização de energia até alcançar a conformação mais estável, ao decorrer de 2500 passos. O modelo gerado teve como molde a *nsP3* do *Sindbis virus*, e consistiu de 11 alfa-hélices e 10 folhas beta como suas estruturas, QMEAN de -1,52 e RMSD de 0,64Å. O GR mostrou 97,5% dos resíduos de aminoácidos na região favorável e 2,5% na região permitida. Com a estrutura minizada, foi realizada a DM com temperatura de 310k, pressão 1Bar, campo de força CHARMM 36 *all atom*, solvatação implícita e tempo de simulação de 20ns. Os resultados foram analisados no VMD, e mostraram que, embora o valor 9 do RMSD esteja acima do aceitável, a estrutura se estabilizou a partir de 7,5ns. Esse alto valor pode estar relacionado à ausência de moléculas de água, que estabilizam a estrutura em sistema biológico. Os resultados indicam que a *nsP3* obtida foi bem modelada, e é auspiciosa para a prospecção de fármacos antivirais.

Palavras-chave: nsp3 Mayaro vírus, Modelagem por homologia, Dinâmica molecular.

Fomento: CNPq, FAPEMIG.

COMBINAÇÕES DE ANTÍGENO-ANTICORPO QUE PROMOVEM O RECONHECIMENTO DE BACTÉRIAS DA CORROSÃO EM AMOSTRAS PURAS E AMBIENTAIS, VISANDO A SUA APLICAÇÃO EM MICRODISPOSITIVOS SENSORES

Beatriz Alves Assis da Silva^{1,2}; Débora do Carmo Linhares³; Maria Filomena de Andrade Rodrigues³; Jonas Gomes dos Santos³; Antônio Fernando Montemor³; Alessandra Xavier Pardini²; Patricia Léo³

¹Laboratório de Biotecnologia, Fundação de Apoio ao IPT, São Paulo – SP.

²Universidade Paulista (UNIP), São Paulo – SP.

³Laboratório de Biotecnologia, Instituto de Pesquisas Tecnológicas, São Paulo – SP.

E-mail do autor correspondente: heeyitsbea@gmail.com

Bactérias redutoras de sulfato (BRS) são microrganismos que utilizam o sulfato comoceptor terminal de elétrons, resultando na formação do sulfeto. A redução do sulfato e a produção do gás sulfídrico favorece o processo de biocorrosão no setor petrolífero. A prevenção desse processo é de suma importância para a indústria petrolífera, visto que procedimentos relacionados a essas ocorrências resultam em gastos na exploração, transporte e refino do petróleo. Esse trabalho foi desenvolvido com a intenção de elaborar um método rápido e sensível para a detecção das BRS, utilizando anticorpos poli e monoclonal como material biológico para a detecção e quantificação. Para a quantificação, utilizamos a técnica de Número mais provável (NMP) que consiste em diluições seriadas de amostra de campo em tubos múltiplos. O resultado desta análise depende da visualização de um precipitado preto representado por sulfeto férrico resultante do metabolismo microbiano. Os imunoenaios utilizando os anticorpos permitiriam uma avaliação mais rápida da presença de BRS, além de uma maior sensibilidade e seletividade. Observamos a detecção de BRS com o uso de anticorpos tanto policlonais como monoclonais, assim como em lisados de cultura pura de linhagens de BRS e em lisados de amostra de campo positiva para BRS. Os anticorpos policlonais obtidos após imunização com lisado de bactéria BRS foram específicos, não reconhecendo lisados de outras espécies, tão pouco lisados do crescimento enriquecido de amostra de campo. Estes resultados de detecção demonstra o potencial da utilização de anticorpos para a detecção de BRS. O emprego futuro desses anticorpos na construção de microdispositivo imunossensor para a detecção da molécula alvo, trás possibilidades para facilitar a detecção e quantificação das BRS. Dessa forma demonstra-se a importância deste estudo, uma vez que a rápida identificação possibilita a intervenção no processo de biocorrosão.

Palavras-chave: Bactérias redutoras de sulfato, Biocorrosão, Anticorpos policlonais e monoclonais.

Fomento: Fundação de Apoio ao IPT (FIPT).

IDENTIFICAÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DE miRNAs MADUROS E SEUS PRECURSORES NO GENOMA DE *Citrus clementina*

Tamires Caixeta Alves¹; Douglas dos Reis Gomes Santana¹; Laurence Rodrigues do Amaral¹; Matheus de Souza Gomes¹

¹Laboratório de Bioinformática e Análises Moleculares, INGEB, UFU, Campus Patos de Minas, MG.

E-mail do autor correspondente: alvesctamires@gmail.com

A produção de citros é um destaque na agroindústria brasileira, pois o Brasil é responsável por 60% da produção mundial de suco de laranja e principal exportador do mesmo. Dentre as principais frutas cítricas destaca-se a laranja doce, *Citrus clementina*. Os frutos de citros, em geral, possuem propriedades nutricionais e medicinais. Diversos tipos de doenças acometem a cultura de citros causando graves danos à economia. Atualmente, estes males são combatidos com agrotóxicos altamente poluentes. Embora se conheça da biologia das espécies de *Citrus* pouco se tem estudado sobre moléculas envolvidas na regulação da expressão gênica nestes organismos. O melhor entendimento destas vias de silenciamento poderia auxiliar na elucidação de mecanismos não danosos a saúde e ao meio ambiente para o controle de pragas e doenças. Os microRNAs (miRNAs) têm se destacado entre os pequenos RNAs por suas funções na regulação da expressão gênica. O processo de regulação transcricional se resume na ligação complementar entre o miRNA e o RNA mensageiro alvo em regiões específicas levando à degradação do alvo. Assim, este trabalho teve como objetivo buscar, por análise *in silico*, moléculas de miRNAs e seus precursores em *C. clementina*. Esta busca foi realizada utilizando um algoritmo otimizado, desenvolvido em diversas etapas e baseado em características conservadas dos miRNAs. O programa RNAfold foi usado para predição da estrutura secundária do precursor de miRNA e os programas RNAalifold e ClustalX 2.1 foram utilizados para gerar alinhamentos. Foram identificados 196 miRNAs maduros, 159 precursores contidos em 54 famílias em *C. clementina*. Os miRNAs mostraram conservação tanto em nível primário quanto secundário. A distribuição filogenética dos miRNAs de *C. clementina* corroborou com a árvore da vida. Os resultados obtidos ampliam o conhecimento da biologia de *C. clementina* proporcionando novos desafios para a busca de tecnologias para o controle de pragas e doenças em espécies de *Citrus*.

Palavras-chave: Pequenos RNAs, *Citrus*, Bioinformática.

Fomento: CNPq.

ANÁLISE *in silico* DO GENE HUL5 RELACIONADO A VIA UBIQUITINA-PROTEASSOMA EM *Aspergillus fumigatus*

Juliana da Silva Viana¹; Polyane Vieira Macedo¹; Sabrina Aparecida Gomes¹; Tamara Marques da Silva¹; Matheus de Souza Gomes¹; Enyara Rezende Morais¹

¹INGEB, UFU, *Campus* Avançado de Patos de Minas, Patos de Minas, MG.

E-mail do autor correspondente: jullianaviana@outlook.com

A aspergilose invasiva pulmonar é uma doença grave causada em 90% dos casos pelo fungo *Aspergillus fumigatus* que demonstra alta virulência e as terapias existentes não são efetivas, sendo necessário o desenvolvimento de novas medidas terapêuticas para o combate desse patógeno. Em células eucarióticas, o *turnover* de proteínas intracelulares é mediado principalmente pelo sistema ubiquitina-proteassoma (UPS). As proteínas a serem degradadas pelo proteassoma são marcadas com ubiquitina por proteínas acessórias ubiquitinadoras, como a Hul5 que possui a função de alongar as cadeias de multiubiquitina. O objetivo deste estudo foi identificar e caracterizar *in silico* o gene Hul5 relacionado ao UPS em *A. fumigatus*. As análises foram realizadas utilizando os bancos de dados e algoritmos adequados. A análise das sequências gênica e proteica da enzima Hul5 em comparação com ortólogos permitiu a identificação da proteína Afu1g04210 (homólogo Hul5) no fungo. O domínio altamente conservado, HECT, foi identificado, o qual está diretamente relacionado com a função da proteína. Além disso, foi identificado o sítio ativo, HECTc, através do qual a Hul5 se liga ao seu substrato. Por fim, a análise filogenética corroborou com a literatura sugerindo a conservação estrutural e funcional da proteína estudada. A predição da funcionalidade, domínio e sítio ativo dessa proteína em *A. fumigatus* é um passo considerável para o desenvolvimento de novas drogas antifúngicas que atue sobre esse alvo molecular, entretanto necessita-se de mais estudos para melhor compreensão dessa via tão complexa.

Palavras-chave: *Aspergillus fumigatus*, Ubiquitina-Proteassoma, Hul5.

Fomento: CNPq.

AVALIAÇÃO DO PERFIL CLÍNICO DE TUMORES DE MAMA TRIPLO NEGATIVOS

Thamara Gonçalves Reis¹; Fabrícia de Matos Oliveira²; Victor Piana de Andrade³; Fernando Augusto Soares³; Deisi Lilian Braga¹; Amanda Mendes Silva Ribeiro¹; Luiz Ricardo Goulart Filho⁴; Thaise Gonçalves de Araújo^{1,4}

¹Laboratório de Genética e Biotecnologia, Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, Patos de Minas, MG.

²Faculdade de Matemática, Universidade Federal de Uberlândia, Patos de Minas, MG.

³A.C.Camargo Câncer Center, São Paulo, SP.

⁴Laboratório de Nanobiotecnologia, Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

E-mail do autor correspondente: thamara.gr@hotmail.com

O câncer de mama (CM) caracteriza-se como uma doença heterogênea e multifatorial, cuja complexidade é traduzida nos diferentes comportamentos clínicos de seus subtipos moleculares, sobretudo, aqueles definidos como tumores triplo-negativos (TTN). Esses tumores não apresentam a expressão de receptor de estrogênio, receptor de progesterona e receptor tipo 2 do fator de crescimento epidérmico humano. Novas análises que definam diferentes fatores capazes de prever a evolução da doença são necessárias e nosso estudo objetivou avaliar o papel de diferentes dados clínicos na sobrevida dessas pacientes. Foram coletadas amostras de pacientes com CM e realizados ensaios de imuno-histoquímica para detecção dos marcadores relacionados aos seus subtipos moleculares. Noventa e quatro pacientes foram classificadas como TTN e seus dados clínicos analisados para a obtenção de dados referentes à sobrevida global, considerando a morte como *end point*. Após refinamento dos dados, foi estimado intervalo de tempo de sobrevivência pelo método não paramétrico de Kaplan-Meier de 35 pacientes. Para o cálculo do nível de confiança (p), foi utilizado o *Logrank test*. Além disso, um teste do qui-quadrado aproximado foi usado para testar a significância da expressão matemática envolvendo o número de eventos esperados e observados. A presença do segundo tumor primário, a não utilização de radioterapia adjuvante, a invasão vascular, o esvaziamento axilar e a ausência de taxano como estratégia quimioterápica influenciam significativamente para a morte das pacientes. Em TTN, estudos têm demonstrado que a radiação apresenta-se como um fator mais relevante na diminuição do risco de recorrência loco-regional, apesar de ainda controverso. Portanto, a condução de radioterapia torna-se crucial para a sobrevivência dessas pacientes. Contudo, é indiscutível a necessidade de descoberta de novos biomarcadores que possam auxiliar no tratamento desse subtipo tumoral.

IDENTIFICAÇÃO DE PEPTÍDEOS ANTIMICROBIANOS NO GENOMA DA MAMONA (*Ricinus communis* L.)

Flávio Vieira Caixeta¹; Aulus Estevão Anjos de Deus Barbosa¹

¹Laboratório de Engenharia Genética Vegetal, INGEB, UFU, *Campus* Patos de Minas, MG.
E-mail do autor correspondente: flavioc7@outlook.com

Agentes patogênicos têm provocado danos exorbitantes em diversos aspectos, a saber: na saúde humana, as infecções hospitalares e os microrganismos resistentes a antibióticos, promovem milhares de mortes anualmente; na agricultura, a ocorrência de fitopatógenos leva ao uso de defensivos agrícolas, resultando em prejuízos econômicos, danos à saúde humana e ao meio ambiente, além do desenvolvimento de pragas resistentes. Neste sentido, a procura por novos antibióticos que possam sanar estes problemas vem ganhando força, inclusive com o uso de antibióticos naturais, como é o caso dos peptídeos antimicrobianos. Sendo estes, moléculas de baixo peso molecular, ricos em cisteína, e com ampla ação contra microrganismos. Dessa forma, o trabalho aqui proposto teve como objetivo, a partir de análises genômicas, identificar genes codificantes de peptídeos antimicrobianos presentes no genoma da *Ricinus communis* L., uma vez que esta planta demonstra atividades antimicrobianas em extratos vegetais. Buscas utilizando o Blast no banco de dados do NCBI e análises de domínios conservados pelo programa Blast2GO permitiram a identificação dos peptídeos antimicrobianos. Foram identificados: 8 defensinas; 1 heveína; 44 proteínas transportadoras de lipídios; 18 snakinas e 8 tioninas. Portanto, os resultados mostram um grande conjunto de peptídeos antimicrobianos que poderão ter diversas aplicações práticas após caracterizações experimentais.

Palavras-chave: Peptídeos antimicrobianos, Patógenos, *Ricinus communis* L.

CARACTERIZAÇÃO *IN SILICO* DA PROTEÍNA UBA1 ENVOLVIDA NO SISTEMA DE UBIQUITINAÇÃO EM *Aspergillus fumigatus*

Sabrina Aparecida Gomes¹; Polyane Vieira Macêdo¹; Juliana da Silva Viana¹; Matheus de Souza Gomes¹; Enyara Rezende Moraes¹

¹INGEB, UFU, Campus Avançado de Patos de Minas, Patos de Minas, MG.

E-mail do autor correspondente: sabrina_ufu@hotmail.com

Aspergillus fumigatus é um fungo saprófita e oportunista que é responsável por 90% dos casos de aspergilose invasiva pulmonar, a qual possui elevadas taxas de mortalidade, principalmente em indivíduos imunocomprometidos e mesmo após a administração de antifúngicos. Existem várias vias de sinalização que podem ser importantes para o processo infeccioso deste fungo, como a via Ubiquitina-Proteassoma, ainda não caracterizada neste patógeno e que em células eucariontes corresponde ao principal mecanismo de proteólise intracelular. Entretanto, para que as proteínas sejam degradadas via UPS, elas precisam sofrer modificação pós-traducional chamada ubiquitinação. O presente estudo objetiva a caracterização *in silico* das enzimas ubiquitinadoras (E1, E2 e E3) no fungo *Aspergillus fumigatus* visando a descoberta de alvos potenciais para novos fármacos. Realizou-se análises de bioinformática com a utilização de bancos de dados e algoritmos específicos. As análises da sequência da enzima E1, UBA1 permitiram a identificação do domínio altamente conservado entre seus ortólogos, THIF (PF00899), que é parte da cascata para anexar a ubiquitina de forma covalente ao substrato. Além disso, a análise de filogenia da proteína sugere uma conservação estrutural e funcional entre os organismos analisados. A partir destas análises, é possível concluir que o sistema Ubiquitina-Proteassoma está presente em *A. fumigatus* e que deve ser estudado mais a fundo para a seleção de potenciais novos alvos para fármacos.

Palavras-chave: *Aspergillus fumigatus*, Ubiquitinação, E1, UBA1.

CARACTERIZAÇÃO POR BIOINFORMÁTICA DO GENE UBIQUITINA INDUZIDO EM CANA-DE-AÇÚCAR (*Saccharum sp.*)

Renan Gonçalves da Silva¹; Luana Jandhy Mantovanini¹; Joice de Oliveira Leite Silva²; Thiago Mateus Rosa dos Santos¹; Sonia Marli Zingaretti²

¹Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” - UNESP, Jaboticabal, SP.

²Universidade de Ribeirão Preto – UNAERP, Ribeirão Preto, SP.

E-mail do autor correspondente: biotek_rere@hotmail.com

Para o entendimento da funcionalidade de genes que são induzidos ou regulados por estresses bióticos e abióticos em plantas como a cana-de-açúcar, milho, sorgo, *Arabidopsis* (entre outras espécies vegetais), a caracterização por bioinformática desses genes contribui consideravelmente. Assim sendo, o objetivo do trabalho foi caracterizar por análise bioinformática o gene *UBQ* (Ubiquitina), induzido em cana-de-açúcar (*Saccharum sp.*), visando estudos de expressão em plantas transformadas sob estresse por deficiência hídrica. Para confirmação da sequência completa do gene *UBQ* realizou-se o sequenciamento do clone obtido do BCCCenter. O resultado foi submetido à análise de bioinformática (BLASTX e ORF Finder) para confirmação da região codificadora. A sequência de aminoácidos foi submetida às análises de alinhamento local EMBOSSwater e filogenética pelo Clustal Omega. O sequenciamento resultou em uma sequência de 1.252bp, identificando-se a sequência codificadora de 465bp (NCBI Acc. No. CA125872.1) correspondente ao cDNA do cultivar de cana-de-açúcar SP80-3280 (NCBI Acc. No. SCRLLR1131E01) e a sequência da proteína de 155 aminoácidos. Observou-se que a proteína apresenta alto conteúdo de Lisina (16,13%), Treonina (8,39%) e Leucina (8,39%). A sequência de aminoácidos apresenta alta similaridade com plantas monocotiledôneas como *Zea mays* (100%), *Sorghum bicolor* (99%), *Setaria italica* (98%), *Oryza sativa* (98%), *Brachypodium distachyon* (98%) e similaridades entre 91% a 95% com dicotiledôneas. A árvore filogenética indica que a proteína *UBQ* de cana-de-açúcar encontra-se no mesmo clado do milho, e ambas as culturas estão próximas de *O. sativa*. As proteínas das dicotiledôneas encontram-se agrupadas num mesmo clado. Desse modo, a análise bioinformática do gene *UBQ* contribui para estudos de funcionalidade (expressão gênica diferencial) em culturas de plantas como a cana-de-açúcar e o milho, visto que, o gene apresenta significativa similaridade.

Palavras-chave: Caracterização, Melhoramento genético, Ubiquitina.

Fomento: FAPESP.

ÁREA II: BIOTECNOLOGIA AMBIENTAL

AVALIAÇÃO DOS RESÍDUOS PECUÁRIOS DA MESORREGIÃO METROPOLITANA DE BELO HORIZONTE

Brener Magnabosco Marra¹; Brunna D'Onofre Couto¹; Camila Cristina Vieira Velloso¹; Maira Fernanda Alves Bueno¹

¹Universidade Federal de São João del-Rei, Ouro Branco, MG.
E-mail do autor correspondente: maira.fernanda@hotmail.com

No decorrer da evolução humana, a geração de resíduos urbanos, agroindustriais, agropecuários e industriais sempre tendeu a aumentar. A população procura por melhoria da qualidade de vida e, com o contexto de sustentabilidade, tem-se pressionado a diminuição da quantidade desses resíduos gerados e o seu melhor aproveitamento. Desse fato, surgem as necessidades de práticas que ofereçam adequados destinos a tais resíduos, sendo que estes podem ser convertidos em produtos de importância econômica, especialmente biofertilizantes. O seguinte trabalho é caracterizado por uma pesquisa descritiva explicativa, com embasamento estatístico quantitativo, sendo o principal objetivo realizar o levantamento de resíduos pecuários existentes na mesorregião metropolitana de Belo Horizonte. Para isso, coletaram-se dados de 82 cidades, as quais foram subdivididas em três regiões (Carandaí, Juatuba, e Ouro Branco), para a futura elaboração de um plano de negócios de desenvolvimento de uma indústria de biofertilizantes. As análises realizadas apontam que a região de Juatuba apresenta maior viabilidade para fabricação de biofertilizantes, por possuir maior produção de dejetos suínos, bovinos e de aves, se comparada os polos de Carandaí e Ouro Branco. Logo, possui maior quantidade de nutrientes e, conseqüentemente, maior valor econômico, além de estar próxima de um grande mercado consumidor. Entretanto, outros parâmetros como logística e frete, devem ser considerados e estudados, e, por isso, não se deve descartar a possibilidade de reaproveitamento dos resíduos gerados pelas demais regiões traçadas.

Palavras-chave: Biofertilizante, Valor Econômico, Dejetos Pecuários.

Fomento: Universidade Federal de São João del-Rei.

RESPOSTA DE *Microcystis aeruginosa* APÓS EXPOSIÇÃO AO EXTRATO DE *Hordeum vulgare* L.

Gustavo Franciscatti Mecina¹; Maria do Carmo Bittencourt de Oliveira²; Mathias Ahii Chia²; Micheline Kézia Cordeiro-Araújo²; Regildo Márcio Gonçalves da Silva¹

¹Universidade Estadual Paulista (UNESP), Instituto de Química de Araraquara e Faculdade de Ciências e Letras de Assis, SP, Brasil.

²Departamento de Ciências Biológicas, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, SP, Brasil.

E-mail do autor correspondente: mecina_16@hotmail.com

A eutrofização de ambientes aquáticos e conseqüentemente o aumento de florações de algas e cianobactérias são considerados atualmente como um sério problema ambiental e para saúde animal e humana. Neste contexto os compostos químicos de origem vegetal apresentam potencial para serem utilizados como uma alternativa viável no controle de pragas transformando-se em um grande aliado na agricultura e mais atualmente no controle de microrganismos prejudiciais a saúde humana e animal. Diante do exposto o presente trabalho teve por objetivo avaliar o potencial do extrato de *Hordeum vulgare* L. (cevada) nas concentrações de 50, 100, 250 e 500mg/L no crescimento de células de *Microcystis aeruginosa* em condições laboratoriais, utilizando-se para a montagem dos ensaios biológicos a cepa clonal e não axênica pertencente à Coleção Brasileira de Cianobactérias da Universidade de São Paulo de *M. aeruginosa* BCCUSP232 produtora de MC-LR e MC-RR, assim como determinar o teor de polifenóis e flavonoides totais. Foi possível verificar que o extrato de *H. vulgare* interferiu na densidade celular, reduzindo a mesma já na primeira leitura após a aplicação do extrato em suas diferentes concentrações, redução semelhante também foi verificada nas leituras subsequentes quando comparados com o controle, sendo observado no 10º dia do bioensaio e última leitura realizada densidade celular respectivamente de (50mg/L = 3.073.000; 100mg/L = 1.684.444; 250 mg/L = 817.777 e 500mg/L = 00) sendo estas diferentes estatisticamente do controle que apresentou densidade de 2.595.556. Já para determinação de polifenóis e flavonoides totais para o extrato de *H. vulgare* foi verificado 7,5 µg de ácido gálico equivalente por miligrama de extrato para o teste de polifenóis totais e 30 µg de rutina equivalente por miligrama de extrato para o teste de flavonoides. Este estudo demonstra que esta espécie possui compostos tóxicos capazes de interferir na estabilização e no desenvolvimento de *M. aeruginosa* em condições laboratoriais.

Palavras-chave: Ecotoxicidade, *Microcystis aeruginosa*, Microcistina.

Fomento: FAPESP.

BIOACUMULADOR DE METAIS PESADOS E MUTAGENICIDADE DE *Baccharis trimera* E *Equisetum hyemale*

Gisele Pigatto¹; Vanessa Marques de Oliveira Moraes¹; Luciana P. Silva²; Regildo Márcio Gonçalves da Silva¹

¹Laboratório de Fitoterápicos, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – Campus Assis – SP.

²Fundação Educacional do Município de Assis (FEMA).

E- mail autor correspondente: gi.pigatto@gmail.com

Baccharis trimera (carqueja) é uma planta utilizada na medicina popular para o tratamento de doenças do fígado e do trato gastrointestinal. *Equisetum hyemale* (cavalinha) tem sido utilizada na medicina tradicional para tratamento da hipertensão e doenças inflamatórias. O objetivo deste trabalho foi avaliar o potencial mutagênico e bioacumulador de metais pesados de *Baccharis trimera* Less e *Equisetum hyemale* L. Os espécimes de carqueja e cavalinha foram cultivados e expostos em solução de metal e controles por 30 dias. As partes vegetativas coletadas foram trituradas e secas em estufa para a preparação dos extratos. Os extratos etanólico e aquoso foram preparados em diferentes concentrações com água ultra pura. Os metais pesados presentes nos extratos foram quantificados por meio da análise de absorção atômica. O Teste de *Allium cepa* foi realizado para analisar a atividade genotóxica dos extratos. Os resultados apresentaram que extratos aquosos e etanólicos foram os que mais acumularam metais, além da observação que a concentração de 100µg/mL do extrato etanólico de *Baccharis trimera* e os extratos de *Equisetum hyemale* interferem no índice mitótico. Conclui-se que *Baccharis trimera* e *Equisetum hyemale* são espécies bioacumuladoras de diferentes metais pesados. Os extratos de *Baccharis trimera* e *Equisetum hyemale* interferem no índice mitótico e são capazes de promover atividade genotóxica em células meristemáticas de raiz de *Allium cepa*.

Palavras-chave: *Allium cepa*, Metal pesado, Genotoxicidade.

AVALIAÇÃO DO TRATAMENTO DE ÁGUA COM *Moringa oleifera* PARA ELIMINAÇÃO DE XENOBIÓTICOS

José Lucas Lima¹; Gisele Pigatto¹; Fillipi Valadares¹; Luciana Pereira Silva²; Regildo Márcio Gonçalves da Silva¹

¹Instituto de Química, Universidade Estadual Paulista - UNESP Araraquara.

²Fundação Educacional do Município de Assis (FEMA), Assis.

E-mail do autor correspondente: lucaslimacb@gmail.com

Em países em desenvolvimento a água dos rios utilizada, em geral, para consumo humano e uso doméstico pode ser altamente turbida, sobretudo na estação chuvosa, contendo material sólido em suspensão, bactérias e outros microrganismos, podendo conter também compostos xenobióticos e genotóxicos. O presente trabalho teve por objetivo avaliar a genotoxicidade de água superficial proveniente de efluentes urbanos tratada com sementes de *M. oleifera* por meio do teste de aberração cromossômica e determinação da frequência de micronúcleos em células meristemáticas da raiz de *Allium cepa*. A água superficial bruta foi coletada na região urbana do município de Assis/SP, levada para o laboratório de fitoterápicos e tratada com uma solução preparada com sementes de *M. oleifera* descascadas e trituradas. Para tanto, bulbos de cebola foram divididos em grupos experimentais, controle negativo e positivo. Os grupos experimentais foram expostos às águas tratadas com duas concentrações de solução de sementes (25 e 50mg/mL). O grupo controle negativo (CN) foi formado por água mineral e grupo controle positivo por bulbos expostos a água superficial bruta. Após a exposição foram retiradas as raízes com comprimento médio de 2cm e preparadas as lâminas. Na porcentagem de índice mitótico, micronúcleo e porcentagem média de células aberrantes, o controle negativo e as concentrações de 25mg/mL e 50mg/mL não diferiram significativamente entre si, porém diferiram quando comparados com o controle positivo. De acordo com os resultados obtidos o tratamento com solução de sementes de *M. oleifera* possibilita a diminuição e eliminação de compostos xenobióticos e genotóxicos.

Palavras-chave: Água, Micronúcleo, Genotoxicidade.

MORTALIDADE E CONTROLE DA DENSIDADE CELULAR EM CULTURA DE *Microcystis aeruginosa* EXPOSTAS A EXTRATOS DE *Pistia stratiotes*

Anderson Lourenção¹; Gustavo Franciscatti Mecina²; Amanda da Costa Gomes²; Micheline Kézia Cordeiro-Araújo³; Maria do Carmo Bittencourt de Oliveira³; Regildo Márcio Gonçalves da Silva¹

¹Departamento de Ciências Biológicas, Faculdade de Ciências e Letras Universidade Estadual Paulista, Assis/ SP.

²Instituto de Química, Universidade Estadual Paulista Araraquara/SP.

³Departamento de Ciências Biológicas, Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba/SP.

E- mail autor correspondente: pranquil@hotmail.com

Os estudos de plantas candidatas a fornecedoras de compostos algicidas tornam-se de suma importância, visto o impacto das cianotoxinas frente à saúde das populações assim como a possível contaminação de alimentos e do ambiente. Diante disso, o presente trabalho teve por objetivo avaliar o potencial algicida de extratos aquoso e etanólico de *Pistia stratiotes* L. sobre culturas de *Microcystis aeruginosa* e determinou também os compostos polifenólicos presentes nos extratos. A exposição da *M. aeruginosa* as diferentes concentrações dos extratos resultou em uma redução significativa na densidade celular da cepa. Essa redução pôde ser observada para as diferentes concentrações do extrato aquoso a partir da primeira leitura (2º dia de exposição), sendo estes diferentes estatisticamente quando comparados com o controle. Para o extrato etanólico, perfil semelhante foi observado, sendo que para a maior concentração utilizada (500mg/L), a densidade celular foi reduzida a 0 a partir do 4º dia de exposição. Para os resultados da determinação de fenóis e flavonoides totais, verificou-se para o extrato etanólico concentração de 93.36µg de ácido gálico equivalente por miligrama de extrato para o teste de polifenóis totais e 217.33µg de rutina equivalente por miligrama de extrato para o teste de flavonoides. Já para o extrato aquoso foi verificado 5.19µg de ácido gálico equivalente por miligrama de extrato para o teste de fenóis totais e 11.02µg de rutina equivalente por miligrama de extrato para o teste de flavonoides. Diante dos resultados obtidos foi possível concluir que *Pistia stratiotes* apresenta potencial para controle de populações de cianobactérias.

Palavras-chave: Alelopatia, Fenóis, Flavonoides.

Fomento: CAPES.

ÁREA III: BIOTECNOLOGIA ANIMAL

ROTINA DE GERENCIAMENTO E EDIÇÃO DE DADOS GENÔMICOS

Ludmila Marques dos Santos Veloso¹; Monize Angela de Andrade¹; Fernanda Marcondes de Rezende²

¹Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, Patos de Minas, MG.

²Faculdade de Medicina Veterinária, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

E-mail do autor correspondente: ludmilamarks@live.com

Os marcadores SNP têm sido os mais utilizados para estudos de associação genômica ampla e seleção genômica por apresentarem uma baixa taxa de mutação e facilidade de genotipagem. Atualmente, o grande desafio é a aplicação de estratégias de bioinformática e de estatística para a manipulação desses dados, uma vez que o volume de informação gerado é gigantesco. No presente estudo, objetivou-se estabelecer uma rotina de gerenciamento e edição de dados genômicos utilizando o sistema operacional Linux. Genótipos de 407 animais obtidos pelo ensaio Illumina BovineHD BeadChip composto por 777.692 SNP foram utilizados. Comandos do sistema Linux foram aplicados para o gerenciamento dos dados e, o controle de qualidade foi feito pelos programas *illumina2pregs*, *renumf90* e *preGSf90* do BLUPf90. O programa *illumina2pregs* reordenou e converteu os dados do *final_report* e do *snp_map* em formato passível de leitura pelo *preGSf90*. O *renumf90* fez a checagem de consistência desses dados que, posteriormente, foram analisados no *preGSf90*. Finalmente, o CQ foi realizado pelo *preGSf90* considerando os parâmetros: *call rate* por animal (>90%) e por SNP (>95%), MAF (>3%) e equilíbrio de Hardy-Weinberg (<0,15). Após o CQ foram mantidos genótipos de 401 animais e 486.489 SNPs. Conclui-se que o sistema Linux e os programas da família BLUPf90 permitem realizar o gerenciamento e edição de dados genômicos, disponibilizando arquivos com formatação adequada para a realização de análises de associação genômica ampla e seleção genômica.

Palavras-chave: BLUPf90, Marcadores genéticos, SNP.

Fomento: CNPq e FAPEMIG.

AVALIAÇÃO DA TOXICIDADE REPRODUTIVA DE EXTRATO DO RESÍDUO DO PROCESSAMENTO DO SISAL (*Agave sisalana*)

Amanda Martins Viel¹; Aline Rodrigues Pereira¹; Lucinéia dos Santos¹; Regildo Márcio Gonçalves da Silva¹; Isabel Cristina Chericí Camargo¹

¹Departamento de Ciências Biológicas, Faculdade de Ciências e Letras de Assis, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”– UNESP, Assis, SP.

E-mail do autor correspondente: amanda.mviel@hotmail.com

O Brasil é o maior produtor e exportador do mundo de fibras de sisal (*Agave sisalana*), porém, apenas 4% das decorticações das folhas produzem fibras, e o restante do material (resíduos) é comumente descartado. Este é composto por água, tecido parenquimatoso, celulose, fibras de vários tamanhos, compostos primários e secundários. Esta espécie é utilizada também para tratamento de doenças hepáticas, tuberculose e sífilis, além de apresentar atividades farmacológicas, destacando-se as atividades antifúngica e anti-inflamatória. No entanto, não há relatos na literatura sobre os efeitos toxicológicos desta planta no sistema reprodutor, e diante disso este estudo objetivou avaliar a toxicidade reprodutiva de *A. sisalana* em ratas. Para tanto, as fêmeas foram subdivididas nos seguintes grupos (n=13/grupo): tratado com o extrato de sisal (100mg/kg de peso corpóreo) e controle, que recebeu água destilada. O tratamento foi realizado por via oral durante 30 dias consecutivos e o ciclo estral foi monitorado diariamente. Os ovários e útero das ratas (n=5/grupo) foram coletados e analisados em microscópio óptico. O teste de fertilidade foi aplicado em oito ratas de cada grupo experimental. Os resultados demonstraram que o ciclo estral não foi afetado pelo tratamento com o sisal. O peso absoluto ovariano foi maior (p<0,05) no grupo tratado, mas não houve alteração na estrutura histológica e na quantificação folicular, em comparação ao grupo controle. O peso e a estrutura morfológica uterina foram similares em ambos os grupos experimentais, no entanto, a espessura do perimétrio foi maior (p<0,05) no grupo tratado. Houve um discreto aumento (p<0,05) no peso da ninhada no grupo tratado, mas o tamanho da ninhada foi reduzido significativamente. Concluiu-se que a *A. sisalana* não foi gonadotóxica e não prejudicou a fertilidade, mas promoveu discreta alteração na espessura do perimétrio e afetou o peso e o tamanho da ninhada de ratas.

Palavras-chave: Sisal, Gonadotoxicidade, Reprodução.

AValiação Antioxidante do Fitoterápico de *Morus nigra* NA FASE AGUDA DA DOENÇA DE CHAGAS

Michelly Cristina Montenote¹; Regildo Márcio Golçalves da Silva²; Luciana Pereira Silva³; Luciamáre Perinetti Alves Martins¹

¹Faculdade de Medicina de Marília – FAMEMA. ²Faculdade de Ciências e Letras de Assis - UNESP. ³Fundação Educacional do Município de Assis - FEMa.

E-mail do autor correspondente: regildos@assis.unesp.br

O gênero *Morus* vêm apresentando comprovação da ação de compostos ativos, com destaque aos fenólicos presentes nas folhas e frutos de *Morus nigra* por apresentam amplo espectro de atividade bioquímica, tais como propriedades antioxidantes, antimicrobianas e antimutagênicas. Por possuírem compostos com atividade antioxidante e antiinflamatória, os fitoterápicos a base de *M. nigra* podem influenciar na progressão da doença de Chagas; apesar da atividade antioxidante de diversos compostos ativos e potenciais nutricionais desta espécie já terem sido descritas em estudos anteriores; estas funções do fitoterápico na doença de Chagas, não tem sido explorado. Sendo assim o presente trabalho teve por objetivo avaliar o potencial antioxidante da tintura a base de folhas de *M. nigra* na evolução da parasitemia na fase aguda da doença de Chagas. Para tanto foi quantificado os polifenóis e flavonoides totais do fitoterápico e determinado a atividade antioxidante do fitoterápico por meio de determinações *in vitro* de sequestro de radical livre estável 2,2-difenil-1-picrilhidrazil (DPPH) e determinado o efeito do fitoterápico na progressão da parasitemia em modelo murino durante a fase aguda da doença de Chagas. Para o teor de polifenóis totais do fitoterápico de *M. nigra* pode-se verificar 261,66µg de ácido gálico equivalente/mg do fitoterápico. Foi observado 361,83 µg de rutina equivalente/mg do fitoterápico para a análise de flavonoides. Para o teste DPPH verificou-se um aumento progressivo da atividade antioxidante com o aumento das concentrações. Sendo a maior atividade antioxidante observada para a concentração de 500µL/mL (78,96%) e $EC_{50\%} = 72,28\mu\text{L/mL}$. Já para a análise parasitêmica, foi observado redução da parasitemia dos grupos tratados quando comparado ao placebo, sendo a maior redução para grupo que recebeu 25µL da tintura. Os resultados obtidos, sugerem importante ação da tintura de *M. nigra* na progressão da doença de Chagas.

Palavras-chave: Amora, Estresse Oxidativo, Parasitemia.

O ENVOLVIMENTO DO FATOR DE INIBIÇÃO DE MIGRAÇÃO DE MACRÓFAGOS (MIF) NA RESPOSTA IMUNE INDUZIDA POR *Neospora caninum*

Vanessa Resende Souza Silva¹; Lydiane Parreira Maia¹; Flávia Batista Ferreira França¹; Vanessa dos Santos Miranda¹; Patrício da Silva Cardoso Barros¹; Murilo Vieira da Silva¹; Jose Roberto Mineo¹; Tiago Wilson Patriarca Mineo¹

¹Laboratório de Imunoparasitologia, Instituto de Ciências Biomédicas, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG

E-mail do autor correspondente: vanessa_ena@hotmail.com

Neospora caninum é um protozoário do filo Apicomplexa que exibe uma ampla distribuição mundial, sendo sua importância relacionada à indução de abortos em bovinos levando a perdas econômicas significativas, além de causar várias doenças clínicas em cães. Uma citocina envolvida em resposta a protozoários intracelulares é o Fator de Inibição de Migração de Macrófagos (MIF), que é produzida por várias células do sistema imune e que se encontra pré-formada intracelularmente, transformando esta citocina em um importante fator na resposta inflamatória aguda apresentando papel central na imunidade inata. Assim, o presente estudo teve como objetivo avaliar a relevância desta citocina durante uma infecção por *N. caninum*. Neste sentido, analisamos a produção da citocina e os fenótipos induzidos pela mesma, utilizando camundongos do tipo C57BL/6 selvagem (WT) e geneticamente deficientes em MIF (MIF^{-/-}), infectados intraperitonealmente por taquizoítos de *N. caninum*. Mediante a infecção, observamos por dosagem de citocina uma produção aguda de MIF em células e fluidos da cavidade peritoneal, baço, pulmão e soro em animais WT, bem como sua produção crônica no soro. Também observamos através da quantificação de DNA por qPCR uma diminuição na carga parasitária de camundongos MIF^{-/-} durante as fases aguda e crônica da infecção, além de apresentarem maior sobrevivência e recuperação do peso corporal em comparação com animais WT. Adicionalmente, observamos uma elevada produção de TNF- α e NO durante a fase aguda da infecção associado com um aumento da inflamação pulmonar em camundongos MIF^{-/-}. Além disso, não observamos o envolvimento das moléculas adaptadoras MyD88 e TRIF na secreção de MIF. Conclui-se a partir destes dados que a citocina MIF apresenta um papel modulatório relevante durante a infecção por *N. caninum*, auxiliando na manutenção da eficiência da latência da infecção.

Palavras-chave: *Neospora caninum*, MIF, Evasão imune.

Fomento: CAPES, CNP, FAPEMIG.

ÁREA VI: BIOTECNOLOGIA HUMANA

RELAÇÃO DA PROTEÍNA rP21 DE *Trypanosoma cruzi* E O RECEPTOR CXCR4

Isadora Akemi Uehara¹; Bruna Cristina Borges^{1,2}; Claudio Vieira da Silva²; Marcelo José Barbosa Silva¹

¹Laboratório de Osteoimunologia e Imunologia dos Tumores, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

²Laboratório de Tripanossomatídeos, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.
E-mail do autor correspondente: isakemi9@gmail.com

A P21 é uma proteína de superfície presente no *Trypanosoma cruzi* que o auxilia na invasão de células hospedeiras. A forma recombinante da P21 (rP21) demonstra recrutar células do sistema imune, possuir atividade antiangiogênica e induzir fagocitose em células não fagocíticas. Em macrófago, a rP21 aumenta a capacidade fagocítica por um mecanismo que depende da ligação ao receptor de quimiocinas CXCR4. Esse receptor tem como ligante CXCL12 (SDF-1 α) e está presente em vários tipos celulares, inclusive em células tumorais, nas quais atua na migração das mesmas para sítios de metástase, estimula a sobrevivência e a proliferação, além de estimular fatores que atuam no estabelecimento tumoral, como TNF- α e VEGF. Dessa forma, a intenção do trabalho foi avaliar se a ligação da rP21 ao CXCR4 pode inibir a ação do receptor em um modelo de migração celular *in vitro*. Os tipos celulares usados foram linhagens tumorais de mama humanas (MCF-7 e MDA-MB-231) e de camundongo (Ehrlich) que foram tratadas com diferentes concentrações de rP21 (100, 50, 25, 12.5 e 6.25 μ g/mL) por 24 horas. Para verificar a viabilidade celular com os tratamentos, utilizou-se o método do MTT que consiste em verificar a atividade mitocondrial. Para o ensaio de invasão celular, foi utilizado o sistema *transwell* com matrigel, sendo que, para esse ensaio, as células foram tratadas com 100 μ g/mL de rP21 por 72 horas e com SDF-1 α (10ng/mL). Os resultados mostram que a rP21 não apresenta citotoxicidade em nenhum tipo celular, não ocasionando a morte de nenhuma célula tumoral. Em relação aos experimentos de invasão foi observado que a exposição das células à rP21 diminui a invasão das mesmas em relação ao controle positivo. Quando pré-tratadas, as células com a rP21 e expostas ao SDF-1 α a invasão é ainda menor, sugerindo que a rP21 esteja ocupando o receptor CXCR4 inibindo a ação quimiotática do SDF-1 α . Assim, a proteína recombinante P21 atuaria no receptor CXCR4, inibindo a ação do seu principal ligante, o SDF-1 α .

Palavras-chave: CXCR4, rP21, Tumor.

Fomento: CAPES, FAPEMIG.

ANÁLISE DA RESPOSTA IMUNOLÓGICA DE CAMUNDONGOS IMUNIZADOS COM PEPTÍDEOS E INFECTADOS POR *Toxoplasma gondii*

Heber Leão Silva Barros¹; Silas Silva Santana²; Ana Cláudia Arantes Marquez Pajuaba¹; Patrício da Silva Cardoso Barros¹; Fernando dos Reis de Carvalho³; Vinícius Fernandes de Paiva¹; Tiago Wilson Patriarca Mineo¹; José Roberto Mineo¹

¹Laboratório de imunoparasitologia Dr. Mário Endsfieldz Camargo, Instituto de Ciências Biomédicas, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

²Faculdade de medicina, Universidade Federal dos Vales de Jequitinhonha e Mucuri, Diamantina, MG.

³Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Goiás, Itumbiara, GO.

E-mail do autor correspondente: heber_biomed@yahoo.com.br

A infecção por *Toxoplasma gondii* normalmente não apresenta sintomas em indivíduos saudáveis, mas é especialmente grave em pacientes imunocomprometidos ou quando adquirida durante a gestação, devido ao risco de transmissão vertical para o concepto. Animais também se infectam com esse parasito, causando abortos e perdas econômicas em rebanhos. Os tratamentos existentes eliminam a forma extracelular do parasito, mas não eliminam a infecção quando se instala intracelularmente. Ainda não existe vacina eficaz disponível para humanos e rebanhos em geral. Considerando estes pontos, este estudo avaliou a resposta imunológica induzida pela imunização de camundongos com 11 peptídeos derivados de proteínas imunodominantes deste parasito. Os peptídeos foram preditos por análises computacionais e sintetizados quimicamente. Camundongos C57/Bl6 foram imunizados com grupos de peptídeos acrescidos de adjuvante ou substâncias controle como antígeno lisado de *Toxoplasma gondii* (STAg), somente adjuvante, BSA ou PBS. Amostras de sangue foram coletadas em diferentes datas e cérebro no 30 dia pós-infecção. Análises sorológicas demonstraram níveis crescentes de anticorpos específicos ao antígeno vacinal, embora os níveis de anticorpos produzidos tenham sido subdetectáveis para o lisado total de *T. gondii*, exceto pelo grupo STAg. Os grupos imunizados com peptídeos MIC e SRS apresentaram produção de citocinas diferenciadas dos demais grupos, com diminuição geral de citocinas dos perfis T helper (Th) 1, 2 e 17, mas preservando a maior produção de citocinas Th1. Reação em cadeia pela polimerase quantitativa (qPCR) indicou que também houve redução no número de cistos do parasito no cérebro dos animais MIC e SRS. A imunização com peptídeos MIC ou SRS resultou na indução de uma resposta imune mais efetiva contra *T. gondii*. Estudos adicionais são necessários no sentido de se maximizar o protocolo de imunização.

Palavras-chave: Peptídeos, Toxoplasmose, Vacinação.

Fomento: CNPq, CAPES.

AVALIAÇÃO DA ATIVIDADE CITOTÓXICA E ANTITUMORAL *in vitro* DO COMPLEXO DE COBRE [Cu(BTACl)(phen)ClO₄]

Ana Carolina de Seni Silva¹; Lorena Polloni¹; Janaína do Couto Almeida²; Bruna Cristina Borges³; Sandra Morelli¹; Wendell Guerra²; Robson José de Oliveira Júnior¹

¹Laboratório de Citogenética, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

²Instituto de Química, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

³Instituto de Ciências Biomédicas, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

E-mail do autor correspondente: anacarolinaseni@hotmail.com

Diversas pesquisas apontam que complexos metálicos possuem um grande potencial para o desenvolvimento de novas drogas antitumorais e dentre os íons metálicos, o Cobre (Cu) tem se destacado. O Cu (II) associado a β -diketonas apresentaram atividade antineoplásica e quando associado à fenantrolina, formando o complexo Cu(BTACl)(phen), apresenta melhor atividade de clivagem do DNA de células tumorais. Frente aos diversos resultados positivos observados em outras pesquisas, o presente trabalho objetivou avaliar os efeitos citotóxicos *in vitro* de um novo complexo metálico derivado de cobre [Cu(BTACl)(phen)ClO₄], em linhagens celulares tumorigênicas murinas (Ehrlich e TG180). As células foram cultivadas em frascos de 25 cm² em meio RPMI-1640 completo, suplementado com 100 U/mL de penicilina, 100 μ g/mL de estreptomicina e 10% de soro fetal bovino e mantidas em uma estufa a 37°C e 5% CO₂. A avaliação da atividade citotóxica do complexo metálico [Cu(BTACl)(phen)ClO₄] foi realizada pelo teste colorimétrico Alamar Blue (resasurina). As análises estatísticas e a determinação do IC₅₀ foram realizadas através do programa GraphPad Prism 6.0. As análises de citotoxicidade do [Cu(BTACl)(phen)ClO₄] indicaram que o composto apresenta resposta citotóxica dose-dependente quando comparado ao grupo controle não tratado ($p < 0,001$). A IC₅₀ obtida nos ensaios de citotoxicidade foi de $1,541 \times 10^{-5}$ na linhagem tumoral de Ehrlich e $2,840 \times 10^{-5}$ na linhagem tumoral TG 180. Diversos complexos de cobre testados em outros trabalhos apresentam ação citotóxica mediante interação e clivagem do DNA. O presente complexo provavelmente possui o mesmo mecanismo de ação, por também possuir Cobre ligado à sua estrutura. Novos ensaios devem ser realizados com o intuito de desvendar o mecanismo citotóxico do [Cu(BTACl)(phen)ClO₄].

Palavras-chave: Complexo metálico, Cobre, Câncer.

ATIVIDADE CITOTÓXICA DO COMPLEXO METÁLICO DERIVADO DO COBRE II ([Cu(Phen)₂](ClO₄)₂)

Fernanda Cardoso da Silva¹; Suélen Fernandes Silva¹; Lorena Polloni¹; Françoise Vasconcelos Botelho¹; Elene C. Pereira Maia²; Priscila P. Silva²; Sandra Morelli¹; Robson José de Oliveira Júnior¹

¹Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

²Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, MG.

E-mail do autor correspondente: fernanda.cardoso95@yahoo.com

A utilização de complexos metálicos derivados de cobre em pesquisas voltadas para a análise da atividade citotóxica e antitumoral tem sido bastante promissora. Isso se deve ao fato de que esses complexos possuem capacidade de clivagem de DNA comprovada, que suspeita-se ocorrer devido à produção de espécies reativas de oxigênio (ROS). Além disso, apresentam alta seletividade, gerando menos efeitos indesejáveis ao paciente, apresentando, portanto, uma grande vantagem em relação aos quimioterápicos usados atualmente. Baseado nisso, o trabalho foi desenvolvido a fim de avaliar a atividade citotóxica do complexo metálico derivado do cobre II ([Cu(Phen)₂](ClO₄)₂) *in vitro*. Utilizou-se a linhagem celular imortalizada de macrófagos (Raw 264.7), que foi mantida incubada em 200 µL de meio de cultura RPMI-1640 completo em uma microplaca estéril de 96 orifícios transparente, nos quais adicionou-se concentrações variadas do complexo metálico (25µM; 10µM; 1µM; 0,25µM; e 0,125µM e 0,05µM). Foram realizados ensaios de citotoxicidade pelo método Alamar Blue, nos quais cada tratamento foi realizado em quadruplicata e em um dos experimentos adicionou-se também n-acetilcisteína (NAC), um agente antioxidante. Os resultados obtidos durante os experimentos indicaram uma alta citotoxicidade do composto metálico, maior do que a do controle positivo. As análises de citotoxicidade feitas indicaram que o composto é dose-dependente e o complexo apresentou as seguintes concentrações inibitórias de 50% da viabilidade celular (IC₅₀): 4,11 µM (Raw 264.7 sem NAC) e 6.35 µM (Raw 264.7 com NAC), logo a presença do NAC aumentou cerca de 55% da IC₅₀. Portanto, acredita-se que o complexo ([Cu(Phen)₂](ClO₄)₂) possui atividade citotóxica devido a produção de ROS, que ocasionam a clivagem do DNA e conseqüentemente gerando um dano que leva à morte celular.

Palavras-chaves: Câncer, Complexos metálicos de cobre, Atividade citotóxica.

Fomento: UFU, CNPq, FAPEMIG.

ANÁLISE DA EXPRESSÃO DO GENE *PBRM1* NA PROGRESSÃO DO CÂNCER DE PRÓSTATA

Sara Teixeira Soares Mota^{1,2}; Alinne Tatiane Faria Silva¹; Matheus Alves Ribeiro²; Larissa Vargas²; Letícia Lopes Dantas¹; Adriana Freitas Neves³; Luiz Ricardo Goulart¹; Thaise Gonçalves Araújo²

¹Laboratório de Nanobiotecnologia, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

²Laboratório de Genética e Biotecnologia, Universidade Federal de Uberlândia, Campus Patos de Minas, Patos de Minas, MG.

³Laboratório de Genética e Biotecnologia, Universidade Federal de Goiás, Catalão, GO.

E-mail do autor correspondente: saratsm.s@hotmail.com

A proteína humana Polybromo-1 (PBRM1/BAF180) é uma subunidade do complexo de remodelagem da cromatina SWI/SNF. Mutações descritas em *PBRM1* em diversos tipos de tumores indicam o seu papel como um supressor de tumor. Neste estudo, objetivou-se avaliar os níveis transcricionais do gene *PBRM1* no sangue periférico de pacientes com câncer de próstata (CaP) e hiperplasia prostática benigna (HPB). Foram analisados 34 pacientes com CaP e 32 com HPB e a expressão do mRNA foi avaliada por ensaios quantitativos por qPCR. A quantificação relativa do mRNA do gene *PBRM1* foi 21.0 vezes mais elevada no grupo CaP ($P = 0,0002$), em níveis mais elevados de *PBRM1* há uma chance de 7,81 maior de ocorrer CaP (IC 95% 2,13-28,67, $P = 0,003$). Obtivemos uma curva ROC para os níveis transcricionais do gene *PBRM1* com uma área sob a curva de 0,79, uma sensibilidade de 86,2%, e a especificidade de 55,6% ($P = 0,002$). Considerando os parâmetros clínicos, houve uma correlação entre os níveis de mRNA de *PBRM1* e os níveis de PSA maior ou igual a 4 ng/mL resultando numa melhora de 80% na especificidade ($P = 0,004$). Observamos uma associação entre os níveis de *PBRM1* e o estágio clínico, a qual os níveis transcricionais de *PBRM1* aumentam conforme a progressão do tumor. Assim, os eventos da remodelagem da cromatina desempenham um papel central nas alterações moleculares, e os níveis de *PBRM1* parece ser crítica na transformação do câncer de próstata. A associação entre os níveis séricos de PSA e *PBRM1* pode ser uma ferramenta útil na prática clínica para a investigação de tecidos da próstata, juntamente com a análise histopatológica convencional. Os níveis de *PBRM1* pode ser crucial para o desfecho clínico de doentes, tanto para mecanismo de iniciação tumoral, quanto na progressão do tumoral. Nossos resultados fornecem uma base para um estudo genético molecular biologicamente significativo e clinicamente relevante que podem influenciar as estratégias para melhor compreender a biologia do tumor na prática clínica.

Palavras-chave: PBRM1, qPCR, Câncer de próstata.

Fomento: CNPq, CAPES, FAPEMIG.

PRODUÇÃO DE ANTICORPOS MONOCLONAIS MURINOS IgG1 ANTI-TNP, PURIFICAÇÃO POR CROMATOGRAFIA DE AFINIDADE E EM SISTEMA POLIMÉRICO DE DUAS FASES AQUOSAS

Bruna Dias da Ponte¹; Bárbara Aline Balderramas Gonçalves²; André Moreni Lopes³; Carlota de Oliveira Rangel Yagui³; Antonio Fernando Montemor⁴; Patrícia Léo⁴; Sérgio Fernandes⁴

¹Faculdade de Ciências Farmacêuticas, USP, São Paulo, SP.

²Instituto de Ciências Ambientais, Químicas e Farmacêuticas, UNIFESP, Diadema, SP.

³Departamento de Tecnologia Bioquímico-Farmacêutica, USP, São Paulo, SP.

⁴Laboratório de Biotecnologia Industrial, Núcleo de Bionanomanufatura, IPT, São Paulo, SP.

E-mail do autor correspondente: bruna.dponte@gmail.com

Anti-TNP é um anticorpo IgG1 encontrado em ratos, coelhos e no homem. Literaturas indicam que a concentração plasmática aumenta no homem em condições patológicas, como Lúpus, e que bloqueia, in vitro, a infecção por HIV. Apresenta por isso, potencial para fins de diagnóstico ou terapêutico. Este trabalho compara a purificação de anti-TNP por cromatografia de afinidade e por sistema polimérico de duas fases aquosas (SPDFA). O anti-TNP foi obtido monoclonal em cultivo celular de hibridoma murino. A produção foi em frascos Spinner com meio DMEM e soro fetal bovino, monitorada por medidas de pH, glicose, lactato e ELISA. O sobrenadante foi purificado em cromatógrafo Äkta com coluna GE HiTrap Protein G 1mL, tampão de ligação $\text{Na}_2\text{HPO}_4 \cdot 2\text{H}_2\text{O}$ 20mM pH 7,2 e de eluição glicina 0,1M pH 2,7. As frações coletadas tiveram o pH corrigido para 7,0 com Tris HCl 1M pH 9,0 e unidas em um pool. A purificação do sobrenadante por SPDFA empregou três condições, variando a concentração de polietilenoglicol (PEG) (10 e 14%) e poliacrilato de sódio (NaPA) (8, 10 e 14%), com 5% de Na_2SO_4 . As purificações foram monitoradas por SDS-PAGE e ELISA. A produção de mAb total foi 327mg. A cromatografia recuperou 96,3% (315mg). O SPDFA com melhor resultado foi 10% PEG, 14% NaPA, 5% Na_2SO_4 . Suas fases top rica em PEG e bottom rica em NaPA, foram comprovadas por condutividade: 5,47mS/cm e 14,16mS/cm, respectivamente. Recuperou-se 28,56% do mAb na fase top e 68% na fase bottom, indicando alta afinidade do mAb pelo polímero NaPA, que tem carga negativa. Empregou-se tampão pH 7,4 para conferir caráter positivo ao Anti-TNP (pI 7,3-8,1) e caráter negativo à albumina bovina (pI 4,7-4,9), principal impureza. O mAb puro obtido por cromatografia, submetido a este SPDFA, teve resultado semelhante, demonstrando que impurezas da cultura celular não alteraram a afinidade da molécula pela fase NaPA. O SPDFA pode ser uma boa proposta de purificação de anticorpos anti-TNP, menos complexa e custosa, comparado à cromatografia de afinidade.

Palavras-chave: Anticorpo IgG1 Anti-TNP, Sistema de Duas Fases Aquosas, Biofármaco.

Fomento: FIPT - Fundação de Apoio ao IPT.

REGULAÇÃO PÓS-TRANSCRICIONAL DE CD38 POR ZFP36L1 DURANTE O DESENVOLVIMENTO DE PLASMÓCITOS

Esther Campos Fernández¹; John J. Murphy¹

¹Department of Biomedical Science, University of Westminster, Londres, Reino Unido.
E-mail do autor correspondente: esther.campos.fernandez@gmail.com

A proteína ZFP36L1 é um dedo de zinco que se liga a domínios ricos em adenina e uracila na região 3'UTR de vários mRNA para promover sua degradação ou estabilização. Estudos sobre diferenciação de linfócitos B para plasmócitos mostraram que ZFP36L1 atua como supressor tumoral degradando mRNA de proteínas que bloqueiam a diferenciação e consequentemente, transformam linfócitos B em células malignas que desenvolvem mieloma. CD38 é um marcador de superfície associado à diferenciação maligna das células B e usado para diagnosticar mieloma, seu mRNA é um possível alvo de ZFP36L1. Os mecanismos que controlam o desenvolvimento do mieloma são desconhecidos. Assim, avaliamos se ZFP36L1 desregula o mRNA de CD38 no desenvolvimento de plasmócitos. Linhagens celulares de linfócitos B maduros e mielomas foram usadas para determinar a expressão das proteínas CD38 por citometria de fluxo e ZFP36L1 por Western blot em diferentes estádios de diferenciação. O ensaio da luciferase foi usado para testar a interação física e funcional entre a região 3'UTR do mRNA de CD38 e a proteína ZFP36L1. Observamos que a expressão em células de mieloma foi menor para ZFP36L1 e maior para CD38 quando comparada em linfócitos B, sugerindo que ZFP36L1 poderia funcionar como supressor tumoral degradando o mRNA de CD38 e que a desregulação de ZFP36L1 em mielomas pode estar implicada na origem da doença. Todavia o ensaio da luciferase mostrou que existe uma interação estabilizadora entre o mRNA de CD38 e ZFP36L1. Por ser uma prova funcional, mais fiável do que as outras que apenas medem a expressão independente de cada proteína, determinamos que ZFP36L1 não desregula CD38 em plasmócitos.

Palavras-chave: Linfócito B, ZFP36L1, CD38.

ESTUDO ELETROQUÍMICO PARA MONITORAMENTO DE NOX (NITRITO/NITRATO) E ALGUNS INTERFERENTES PLASMÁTICOS

Larissa Pereira Caetano¹; Ana Paula de Lima²; Rodrigo Alejandro Abarza Muñoz²; Françoise Vasconcelos Botelho¹

¹Laboratório de Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

²Núcleo de Pesquisa em Eletroanalítica, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

E-mail do autor correspondente: larissa_biotec3@hotmail.com

O óxido nítrico (NO) é um importante regulador da homeostase vascular e da sinalização de lipólise. No entanto, como a sua medição direta é dificultada, devido aos seus baixos níveis e de sua meia-vida curta, uma maneira promissora de estimar a sua biossíntese seria aferir os seus produtos de oxidação, os quais atuam por meio de uma via alternativa, a via do nitrato-nitrito-NO. Com base nisso, esse trabalho propõe o monitoramento de Nox (nitrito/nitrato) a fim de mensurar indiretamente a produção de óxido nítrico. Para tal, foi construído um sistema eletroquímico composto de um eletrodo de trabalho de carbono vítreo, um eletrodo auxiliar de fio de platina e um eletrodo de referência miniaturizado de Ag/AgCl/KCl 3 mol L⁻¹, os quais foram submersos a uma solução padrão de nitrito 1 mmol L⁻¹ em tampão BR pH 3 e submetidos a uma varredura de potencial de 0 a +1,2V à 50mV/s por voltametria cíclica utilizando um μ -Autolab tipo III da Eco Chemie. Picos de oxidação foram observados e, portanto, testes quanto à sensibilidade puderam ser realizados, adicionando concentrações menores de nitrito (800 μ mol L⁻¹, 500 μ mol L⁻¹, 300 μ mol L⁻¹ e 100 μ mol L⁻¹). Alguns interferentes presentes no plasma (ácido láctico, uréia, ácido ascórbico e ácido úrico) foram mimetizados separadamente e junto à solução padrão de nitrito nas mesmas condições. Apenas o ácido ascórbico (+ 0,3V) e o ácido úrico (+ 0,6V) foram identificados na janela de potencial utilizada, entretanto nenhum dos seus picos anódicos se sobrepôs ao do analito estudado cujo Epa foi de + 0,9V, garantindo dessa forma a seletividade da técnica empregada. Os resultados mostraram-se promissores para a quantificação de Nox pela oxidação do nitrito, demonstrando uma linearidade da corrente de pico anódica ($R^2 = 0,9926$) e, completando assim, uma etapa primordial de otimização de uma plataforma eletroquímica para aplicação em amostras biológicas.

Palavras-chave: Óxido nítrico, Nox, Voltametria cíclica.

Fomento: CNPq, CAPES, FAPEMIG.

ATIVIDADE CITOTÓXICA DE EXTRATOS VEGETAIS PARA O TRATAMENTO DO CÂNCER DE PRÓSTATA

Antonielle Oliveira Cordeiro^{1,2}; Mariana Alves Pereira Zóia²; Lara Vecchi²; Sara Teixeira Soares Mota^{1,2}; Enyara Rezende Moraes³; Luiz Ricardo Goulart²; Thaise Gonçalves Araújo^{1,2}

¹Laboratório de Genética e Biotecnologia, Universidade Federal de Uberlândia, Campus Patos de Minas, Patos de Minas, MG.

²Laboratório de Nanobiotecnologia, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

³Laboratório de Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

E-mail do autor correspondente: antonielle._@hotmail.com

Os produtos naturais e, especialmente as plantas medicinais, possuem grande importância no desenvolvimento de novos fármacos. O câncer de próstata é um dos principais tipos de câncer que ameaça a saúde dos homens e a busca por alternativas de tratamento têm se tornado desafiadora na tentativa de aumentar sua eficiência e reduzir os efeitos colaterais envolvidos. O presente trabalho objetivou testar extratos de plantas da flora brasileira como fitoterápicos no tratamento do câncer de próstata. Para isso, as linhagens celulares tumorais de próstata, PC3 e LNCaP e a linhagem não tumoral, RWPE, foram cultivadas e tratadas com extratos hidrometanólicos de três diferentes espécies de plantas *Achyrocline satureioides*, *Pothomorphe umbellata* e *Arrabidaea chica*. O efeito citotóxico dessas plantas sobre as linhagens celulares foi avaliado a partir de ensaios com MTT. O extrato de *Pothomorphe umbellata* agiu seletivamente sobre as linhagens de câncer de próstata reduzindo de maneira significativa, a viabilidade das linhagens PC3 e LNCaP. As demais espécies testadas não apresentaram resultados relevantes devido ao efeito citotóxico frente às células não-neoplásicas. Portanto, a descoberta e o entendimento da ação antitumoral de extratos vegetais são importantes na busca por uma ação seletiva sobre as células tumorais. Extratos vegetais vêm transpondo barreiras impostas à quimioterapia convencional, tornando-se uma alternativa promissora na busca de tratamentos efetivos ao câncer de próstata.

Palavras-chave: Plantas medicinais, Câncer de próstata, Viabilidade celular.

EFEITOS DO COMPLEXO RUTÊNIO(II)/ÁCIDO CINÂMICO SOBRE CÉLULAS DERIVADAS DE CARCINOMA DE PULMÃO

Gabriel Soares Guerra¹; Guilherme Álvaro Ferreira da Silva¹; Marisa Ionta¹; Marina Montingelli Ortega²; Júlia Scaff²; Marília Imaculada Frazão Barbosa²; Antonio Carlos Doriguetto²

¹Instituto de Ciências Biomédicas, Universidade Federal de Alfenas, Alfenas, MG.

²Instituto de Química, Universidade Federal de Alfenas, Alfenas, MG.

E-mail do autor correspondente: gabrielguerra1593@gmail.com

Complexos metálicos têm sido amplamente estudados quanto seu potencial antitumoral, uma vez que a cisplatina e seus derivados contribuíram significativamente para melhorar as propostas terapêuticas no combate ao câncer. Apesar disso, o uso dos compostos a base de platina tem sido limitado, pois apresentam alta toxicidade e, em geral, as células tumorais desenvolvem resistência ao tratamento. Diante desse contexto, os complexos de rutênio representam uma alternativa promissora, uma vez que são mais seletivos e, portanto, apresentam menor toxicidade às células normais. O presente estudo objetivou estudar os efeitos do complexo rutênio (II) /ácido cinâmico [Ru(cinamic)(dppb)(bipy)]PF₆ sobre células derivadas de câncer de pulmão (A549). O comportamento proliferativo foi avaliado usando ensaios de viabilidade (MTS e exclusão por azul de tripano) e ensaio clonogênico, enquanto que a progressão do ciclo celular foi avaliada por citometria de fluxo. Os resultados mostraram que o complexo estudado reduziu significativamente a viabilidade celular em culturas A549 tratadas por 48 h (IC₅₀ = 0.16 – 0.06µM). O complexo de rutênio (II) /ácido cinâmico foi significativamente mais tóxico que a cisplatina (IC₅₀ = 24.70 – 4.78µM). Também foi observado que o tratamento por 24h com complexo de rutênio a 2 µM inibiu drasticamente a capacidade das células em formar colônias. De acordo com os resultados obtidos por citometria de fluxo houve significativo aumento da população SubG1, a qual é corresponde a população de células mortas com redução nas populações G1, S e G2/M. Os resultados indicam que o complexo de rutênio(II)/ácido cinâmico tem grande atividade citotóxica sobre células A549 e, portanto, suportam a continuidade do estudo quanto a elucidação dos mecanismos moleculares relacionados à atividade citotóxica do mesmo.

Palavras-chave: Câncer de pulmão, Complexo de Rutênio, Atividade Citotóxica.

Fomento: FAPEMIG, CAPES, CNPq.

AVALIAÇÃO DO CONSUMO DE NITRATO NO METABOLISMO LIPÍDICO E ESTRESSE OXIDATIVO EM CAMUNDONGOS C57BL-6

Nycollas Bruno Oliveira Fernandes¹; Ralf Pereira da Silva Júnior¹; Joaquim Pedro França Simão¹; Larissa Pereira Caetano¹; Françoise Vasconcelos Botelho¹

¹Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.
E-mail do autor correspondente: francoise.botelho@ufu.br

O estresse oxidativo refere-se ao desequilíbrio da sinalização redox contribuindo para patogênese de muitas doenças como a obesidade, hipertensão, diabetes e doenças cardiovasculares. O nitrato deriva da produção endógena, a partir do óxido nítrico (NO) e também pode ser obtido de fontes dietéticas como vegetais de folhas verdes e beterraba. É debatido na literatura o real efeito do óxido nítrico como pró ou antioxidante. O objetivo deste trabalho foi avaliar o efeito da suplementação crônica com nitrato de sódio no balanço redox em camundongos da linhagem C57BL-6. Os animais foram divididos em dois grupos: grupo controle (consumindo cloreto de sódio) e grupo nitrato (consumindo nitrato de sódio), ambos à concentração de 1mM. O peso corporal, o consumo hídrico e alimentar foram monitorados semanalmente durante 13 semanas experimentais. No sacrifício dos animais o sangue foi coletado para as dosagens bioquímicas plasmáticas (glicemia, colesterol total, triglicérides), tecido adiposo epididimal foi removido e pesado, o fígado foi utilizado para extração e determinação dos lipídeos (colesterol total, triglicérides). As fezes foram utilizadas para dosagem do teor de lipídeos. Para as análises de estresse oxidativo e dosagem de nitrito, utilizamos o fígado e o rim. Em relação ao consumo alimentar, hídrico, peso corporal, tecido adiposo epididimal e as dosagens bioquímicas plasmáticas glicemia (controle: 98,88mg/dL 2,748 98,88 x nitrato: 98,88mg/dL 2,936), colesterol (controle: 56,49 mg/dL 4,42 x nitrato: 56,73 3,79) e triglicérides (controle: 35,58mg/dL 1,82 x nitrato: 39,36mg/dL 5,094) não houve diferenças entre os grupos. O grupo tratado com nitrato de sódio apresentou diferença no colesterol das fezes e triglicérides fecais. Quanto aos dados de estresse oxidativo foi observado aumento da capacidade antioxidante total no rim dos animais tratados com nitrato. Não houve diferença no dano lipídico renal mostrando que a suplementação de nitrato não atua como pró-oxidante. Os efeitos encontrados nos lipídeos fecais evidenciam que há um aumento da excreção de gordura nas fezes o que poderia contribuir para o controle da obesidade e de outras doenças decorrentes do aumento de lipídeos circulantes.

Palavras-chave: Nitrato, Óxido nítrico, Balanço redox.

Fomento: CNPq, CAPES, FAPEMIG.

AÇÃO DE EXOSSOMOS DERIVADOS DE CÉLULAS-TRONCO MESENQUIMAIS SOBRE CÉLULAS DO CÂNCER DE PRÓSTATA

Luna Nascimento Vargas¹; Jéssica Regina da Costa Silva¹; Enza Rafaela Ferreira de Moura¹; Isaura Beatriz Borges Silva¹; Luiz Ricardo Goulart Filho¹; Vivian Alonso Goulart¹

¹Laboratório de Nanobiotecnologia, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.
E-mail do autor correspondente: lunavargas@hotmail.com

Dentre as doenças crônicas, o câncer é apontado como um grande problema de saúde pública, em decorrência das altas taxas de incidência e mortalidade. As células-tronco mesenquimais (CTM) podem contribuir para o ambiente no crescimento tumoral, uma vez que apresentam um papel regulador nas células do sistema imune através da alteração do perfil de secreção de citocinas levando a um ambiente inflamatório. Este papel regulador é devido à liberação de exossomos e outros fatores parácrinos. Neste trabalho foi usado um modelo de cultivo celular em 3D, onde os mecanismos podem ser estudados de forma mais fidedigna. Os exossomos utilizados neste trabalho foram isolados do sobrenadante da cultura de células-tronco mesenquimais, através da método de ultracentrifugação, e as células do câncer de próstata (PC3) foram submetidas ao tratamento com diferentes concentrações de exossomos em cultura celular 2D e 3D. Posteriormente, as citocinas inflamatórias IL-6 e IL-8 presentes no sobrenadante das culturas foram quantificadas pelo ensaio imunoenzimático ELISA. Através dos resultados observados neste trabalho, pode-se concluir que os exossomos derivados de CTM não influenciaram de forma significativa os níveis das citocinas IL-6 e IL-8. No entanto, observou-se que a metodologia de cultivo tridimensional pode fornecer um ambiente mais próximo do *in vivo*, o que é de extrema importância para análises que devem levar em conta os efeitos do microambiente inflamatório do tumor.

Palavras-chave: Câncer de próstata, Células-tronco mesenquimais, Exossomos.
Fomento: CNPQ.

ÁREA V: BIOTECNOLOGIA DE MICRORGANISMOS

**DETERMINAÇÃO DO CONTEÚDO DE CARBOIDRATOS E
RELAÇÕES FILOGENÉTICAS DE UMA NOVA GLUCOAMILASE
PRODUZIDA EM FERMENTAÇÃO SUBMERSA POR *Aspergillus
japonicus***

Thiago Machado Pasin¹; Rosymar Coutinho de Lucas²; João Atilio Jorge²; Maria de Lourdes T. M. Polizeli²

¹Departamento de Bioquímica, Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, USP, Ribeirão Preto, SP.

²Departamento de Biologia, Faculdade de Filosofia, Ciências e Letras de Ribeirão Preto, USP, Ribeirão Preto, SP.

E-mail do autor correspondente: thiagopasin@hotmail.com

Amilases fúngicas são o segundo maior grupo de enzimas utilizadas em todo o mundo. Elas possuem aplicações em indústrias de sacarificação do amido, alimentação e ração animal, detergentes, entre outras. Neste contexto, este trabalho visou determinar o conteúdo de carboidratos e a sequência de aminoácidos da glucoamilase de *Aspergillus japonicus*, possibilitando inferir a similaridade desta enzima frente a outros gêneros. O fungo foi cultivado em meio KHANNA com amido de batata Sigma®. O conteúdo de carboidratos da enzima foi determinado através do método de DUBOIS *et al.*, (1956). A glucoamilase foi sequenciada por espectrometria de massas e os resultados obtidos pelo programa “Mascot Search Results”, foram analisados através do “National Center of Biotechnology Information”. Como resultados, foi visto que o conteúdo de carboidratos foi estimado em 15% para a enzima bruta e 5,5% para a enzima pura, sendo semelhante ao das α -glucosidases de *Aspergillus niveus* com 4% de carboidratos. No sequenciamento observou-se 100% de identidade com as glucoamilases de *Aspergillus niger*, *Aspergillus nidulans* FGSC A4, *Aspergillus awamori*, *Aspergillus ficuum*, *Penicillium chrysogenum* e com o domínio de ligação ao amido de *Neosartorya fischeri* NRRL 181, estando mais próxima filogeneticamente aos fungos *Aspergillus niger* e *Aspergillus ficuum*. Com isto, foi possível concluir que a enzima na sua forma bruta agregou açúcares do meio de cultura, resultando em valores maiores de carboidratos se comparado com a enzima purificada. A glucoamilase apresentou 100% de semelhança com outras glucoamilases de vários fungos, confirmando se tratar de uma glucoamilase que se situa filogeneticamente entre as glucoamilases de *Aspergillus ficuum* e *Aspergillus niger*. Estes dados corroboram com dados da literatura onde a glucoamilase de *Aspergillus niveus* obteve 100% de homologia com a glucoamilase de *Aspergillus niger*. Sendo estes dados importantes para a utilização biotecnológica e industrial desta enzima.

Palavras-chave: *Aspergillus japonicus*, Glucoamilase, Similaridade.

Fomento: FAPESP, CNPq.

CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE *Staphylococcus* sp. ISOLADOS DE INDIVÍDUOS SAUDÁVEIS E DIFERENTES CONFIGURAÇÕES AMBIENTAIS

Rayla Novais da Costa¹; Ronald Cutler²; Hermine Mkrtchyan³

¹Laboratório de Microbiologia e Biologia Molecular, Queen Mary University of London, Londres, Inglaterra, Reino Unido.

²Universidade Federal de São João Del-Rei, Ouro Branco, MG, Brasil.

E-mail do autor correspondente: raylanovais@gmail.com

Bactérias do gênero *Staphylococcus* são normalmente encontradas em pessoas saudáveis sem efeitos prejudiciais. Entretanto, podem também ser bactérias oportunistas e perigosas, representando um dos maiores agentes causadores de infecções comunitárias e hospitalares em todo o mundo. A disseminação da resistência aos antibióticos nas bactérias patogênicas é um perigo crescente, e pode ser causada pelo mau uso de medicamentos. A maioria das infecções adquiridas em hospitais são causadas por bactérias resistentes a múltiplas drogas, tais como *Staphylococcus aureus* resistentes à metilina (MRSA). O fenótipo do MRSA é expresso devido à produção de uma proteína ligante de penicilina modificada (PBP-2a), codificada pelos genes *mecA* e *mecC* localizados no operon *mec*, ambos carregados pelo elemento *staphylococcal cassette chromosome* (SCC*mec*). Portanto, com o objetivo de analisar as características moleculares dos *Staphylococcus* isolados, primeiramente coletou-se 16 amostras de cavidades nasais de estudantes universitários saudáveis e 44 amostras de diferentes ambientes públicos, como shopping centers. Isolou-se as amostras em meio ágar nutriente e identificou-as através do equipamento *Matrix Associated Laser Desorption-Ionization-Time of Flight* (MALDI-TOF MS). A susceptibilidade aos antibióticos foi determinada pelos métodos de difusão em discos e Concentração Inibitória Mínima (CIM). Detectou-se resistência em 17 amostras, das 44 retiradas de locais públicos. Essas amostras resistentes foram então caracterizadas pela tipagem dos elementos SCC*mec* e *Staphylococcus aureus protein A* (*spa*), através da Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) seguida por eletroforese em gel de agarose. A tipagem identificou 4 das amostras com gene *mecA*, 3 com gene *mecC* e 1 com *spa* tipo *t586*. Esta abordagem garante que os *Staphylococcus* são os principais responsáveis pela resistência à metilina e aumentam os riscos de morte de pacientes infectados com bactérias resistentes à antibióticos.

Palavras-chave: *Staphylococcus*, MRSA, SCC*mec*.

FERMENTAÇÃO EM MEIO TÓXICO FORNECIDO POR HIDROLISADO DE RESÍDUO LIGNOCELULÓSICO INDUSTRIAL UTILIZANDO A LEVEDURA *Cândida guilliermondii* FTI 20037

Ana Caroline de Oliveira Junqueira^{1,2}; Judith Vandeven¹; Hung Lee¹

¹School of Environmental Sciences, University of Guelph, Ontario, Canada.

²Universidade Federal de Uberlândia, Minas Gerais, Brasil.

E-mail do autor correspondente: anacarolineoj@gmail.com

Os resíduos industriais quando tratados podem ser reutilizados como matéria-prima para extrair produtos de valor comercial. Resíduos de hidrolisado lignocelulósico provindos do setor agroindustrial oferecem potencial fonte de açúcares fermentáveis. Estudos recentes relatam a capacidade de microrganismos selecionados, como leveduras, em fermentar estes meios tóxicos. O presente trabalho foi desenvolvido com intuito de verificar a habilidade da levedura *Cândida guilliermondii* em tolerar o meio tóxico e a capacidade de resistir a inibidores inerentes ao meio, promovendo assim o consumo de açúcar e a produção de álcool no processo fermentativo. O hidrolisado utilizado neste experimento, cedido pela indústria canadense *Lignol Innovations* Ltda., passou por cromatografia gasosa onde foi demonstrado conter xilose, glicose e arabinose, sendo a xilose encontrada em maior concentração. Foi submetido a tratamento térmico prévio a 200 C, correção do pH para 5.5 por adição de NaOH e diluição em água. As leveduras foram previamente inoculadas em meio padrão a 28 C por 48h para o crescimento celular (fase lag). Após 48 horas as leveduras foram transferidas para meio padrão contendo a adição da diluição de 20% ou 30% do hidrolisado lignocelulósico em frascos Erlenmeyers de 250mL. Os frascos foram incubados em *shaker* sob temperatura de 28 C por 80 horas. Amostras de 1,75mL foram retiradas do meio periodicamente de 0h até 80h do tempo de fermentação, centrifugadas e o sobrenadante armazenado em microtubos em freezer convencional. As amostras foram analisadas por cromatografia gasosa. Foi possível notar que houve consumo de glicose e xilose total presentes em até 40 horas do tempo de fermentação. Moderada produção de etanol e xilitol foi quantificada em ambas as diluições. Foi possível analisar a capacidade da levedura selecionada em fermentar o meio tóxico em diluído a 20 e 30%. Tal fato permite novas abordagens para o tratamento de resíduos.

Palavras-chave: Tratamento de Resíduos, Lignocelulose, Fermentação.

Fomento: CNPq.

CARACTERIZAÇÃO BIOQUÍMICA E AVALIAÇÃO DA REAÇÃO DE HIPERSENSIBILIDADE EM *Nicotiana tabacum* DE UMA LIPASE/ESTERASE DE *Xanthomonas axonopodis* pv. *citri*

Lorraine Cristina Polloni¹; Bárbara Rodrigues¹; Cássio de Souza Campos¹; Bruno Henrique Silva Dias¹; Rafael Nascimento¹

¹Laboratório de Nanobiotecnologia, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.
E-mail do autor correspondente: lorrainepolloni@gmail.com

LesA é uma enzima do tipo α/β hidrolase de aproximadamente 42 kDa, codificada pelo gene XAC0501 em *Xanthomonas axonopodis* pv. *citri* (Xac), fitopatógeno causador da doença cancro cítrico. Quando sequenciaram o genoma de Xac, identificaram esta proteína como sendo uma proteína hipotética não caracterizada. Análises *in silico* revelaram que o gene lesA codifica uma lipase/esterase ortóloga à enzima LipA, presente em diversas espécies do grupo das *Xanthomonas*. Propôs-se neste trabalho caracterizar bioquimicamente a proteína recombinante LesA de Xac, expressa em *E. coli* cepa DH5 α (DH5 α -LesA), e analisar se essa proteína está relacionada à resposta de hipersensibilidade. Para determinar a atividade lipásica, inicialmente, o extrato proteico do lisado de DH5 α -LesA foi adicionado em orifícios previamente feitos em placas de Petri contendo meio sólido Agarose-Tributirina. Estas placas foram incubadas a 28°C por 7 dias, tempo de incubação para o surgimento dos halos de degradação de tributirina. Em seguida, as DH5 α -LesA foram cultivadas em meio Luria-Bertani (LB) sólido emulsificado com 1% do volume de tributirina, a 37°C por 3 dias com a formação de halo ao redor da colônia. Para determinar a atividade esterásica se utilizou 4-metilumbeliferil butirato (4-MUB) como substrato que quando hidrolisado por uma lipase/esterase forma uma molécula altamente fluorescente, a 4-metilumbeliferil (4-MU) e ácido butírico. Findo a caracterização bioquímica, a reação de hipersensibilidade foi determinada através da inoculação mecânica do extrato proteico do lisado de DH5 α -LesA em folhas de *Nicotiana tabacum*. Foi observado, após 72 h, necrose tecidual no local da inoculação devido a resposta de defesa induzida em função do reconhecimento da proteína LesA pelo hospedeiro. Portanto, supomos que a LesA pode participar no processo de virulência de Xac na doença do cancro cítrico, porém são necessários mais estudos que confirmem o seu papel e importância no desenvolvimento desta doença.

Palavras-chave: Cancro cítrico, Proteína recombinante, Citrus.

Fomento: CNPq, UFU.

ANÁLISE DA IMUNOGENICIDADE DE DUAS NOVAS PROTEÍNAS DE *Leptospira interrogans* EXPRESSAS EM *Escherichia coli*

Leandro Toshio Kochi^{1,2}; Luis Guilherme Virgílio Fernandes^{1,2}; Ana Lucia Tabet Oller Nascimento^{1,2}

¹Centro de Biotecnologia, Instituto Butantan – São Paulo, Brasil.

²Instituto de Ciências Biomédicas, Universidade de São Paulo – São Paulo, Brasil.

E-mail do autor correspondente: leandro.kochi@gmail.com

Leptospirose é uma zoonose de ocorrência mundial e endêmica em países tropicais. É causada por bactérias patogênicas do gênero *Leptospira*, sendo que no Brasil a *L. interrogans* serovar Copenhageni é prevalente, acometendo várias espécies de animais incluindo o homem. A identificação de proteínas da membrana externa conservadas entre cepas patogênicas é o principal alvo de pesquisa para elucidar os mecanismos de patogenicidade da bactéria e posteriormente o desenvolvimento uma vacina eficaz. Neste trabalho foram feitas a clonagem, expressão de duas proteínas preditas de *L. interrogans* codificadas pelos genes LIC12587 e LIC11711, a avaliação da imunogenicidade pela produção de anticorpos em camundongos BALB/c e a reatividade frente a soros de pacientes com leptospirose. Após análise *in silico* dos genes selecionados, foram obtidos os produtos de PCR, os quais foram subclonados e posteriormente clonados por restrição enzimática no vetor de expressão pAE. A expressão das proteínas foi feita em *E. coli* DE3 Star pLysS. As proteínas recombinantes foram purificadas por cromatografia de afinidade ao metal e inoculadas nos camundongos para avaliação da sua atividade imunogênica. As predições por bioinformática sugerem que ambas são lipoproteínas localizadas na membrana externa. Os amplicons apresentaram tamanho esperado de aproximadamente 600pb após visualização em gel de agarose e a ligação dos inserto ao pAE foi confirmada pelo ensaio de digestão. As proteínas recombinantes foram expressas e purificadas na fração solúvel após a cromatografia de afinidade ao Ni²⁺. As proteínas apresentaram-se imunogênicas nos camundongos após imunização e avaliação por ELISA. Além disso, as proteínas recombinantes foram reconhecidas por anticorpos presentes em soros de pacientes, sugerindo a expressão das mesmas durante a infecção natural, podendo estas, portanto, estarem envolvidas na patogenicidade da bactéria e serem possíveis candidatos vacinais contra a leptospirose.

Palavras-chave: Leptospirose, *Leptospira*, Proteína recombinante.

Fomento: CAPES, CNPq, FAPESP, Fundação Butantan.

DESENVOLVIMENTO DE PLATAFORMAS METABOLÔMICAS DE UMA LINHAGEM PRODUTORA DE FÁRMACO VISANDO A OTIMIZAÇÃO DE PROCESSOS BIOTECNOLÓGICOS

Bárbara Almerinda Reis Nascimento^{1,2}; Caroline Matos de Mello³; Natália Bonifácio Marteleto³; Telma de Oliveira Marques³; Valter de Oliveira³; Rosane Aparecida Moniz Piccoli³; Luiz Carlos Martins das Neves² e Rosa Mitiko Saito Matsubara³

¹Bolsista de Iniciação Tecnológica pela Fundação de Apoio ao Instituto de Pesquisas Tecnológicas, FIPT, SP, Brasil.

²Instituto de Ciências da Saúde, Universidade Paulista, UNIP, SP, Brasil.

³Laboratório de Biotecnologia Industrial, Instituto de Pesquisas Tecnológicas, IPT, SP.

E-mail do autor correspondente: babireis94@gmail.com

A indústria biotecnológica depende, fundamentalmente, da disponibilidade de linhagens selecionadas e de bioprocessos otimizados. A metabolômica, uma plataforma abrangente que envolve a análise de milhares de metabólitos intra e extracelular, surge como uma alternativa poderosa para melhorar a qualidade do desenvolvimento da investigação biotecnológica. O sucesso de um estudo de metabolômica depende da escolha correta de plataformas analíticas, bem como de protocolos robustos referentes às técnicas de cultivo, amostragem da biomassa, interrupção do metabolismo celular (quenching), extração dos metabolomas e tratamento de dados gerados na análise. Este trabalho visa à comparação de duas metodologias de extração de metabólitos intracelulares. Uma linhagem produtora de uma proteína recombinante com potencial uso terapêutico foi cultivada em um biorreator no modo batelada alimentada e após 6 horas do tempo de inoculação foram coletadas amostras do caldo para avaliação da eficiência de dois métodos de extração: metanol-água 50% com três ciclos de congelamento-descongelamento da biomassa e etanol fervente 75%. Os metabólitos após secagem foram derivatizados com cloroformiato de metila e injetados em um cromatógrafo gasoso acoplado a um espectrômetro de massas. Teste t-Student e Principal Component Analysis (PCA) foram utilizados para avaliação das diferenças entre as replicatas das amostragens dos metabólitos. Dentre os métodos de extração, o metanol-água 50% com três ciclos de congelamento-descongelamento da biomassa mostrou-se mais eficiente para aminoácidos e ácidos orgânicos, de modo que o etanol fervente 75% foi eficiente apenas para ácidos orgânicos. Concluímos que o metanol-água 50% com três ciclos de congelamento-descongelamento da biomassa foi superior ao etanol fervente 75%, sendo o mais adequado à caracterização dos perfis de metabólitos intracelulares.

Palavras-chave: Metabolômica, Metabólitos intracelulares, Espectrometria de massas.

Fomento: FIPT.

AVALIAÇÃO DO EFEITO DO TIPO DE SAL PARA PURIFICAÇÃO DE FICOBILIPROTEÍNAS DE CIANOBACTÉRIAS POR SISTEMAS AQUOSOS BIFÁSICOS

Vanessa Santana Vieira Santos¹; Fabiane Moreira Vieira¹; Érika Ohta Watanabe²; Juliana de Souza Ferreira²

¹Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

²Faculdade de Engenharia Química, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

E-mail do autor correspondente: vanessasvs2009@hotmail.com

Cianobactérias são organismos procariotos fotossintéticos encontrados em ambientes luminosos, conhecidas como principais contribuintes na evolução do oxigênio atmosférico. As espécies *Anabaena variabilis* e *Nostoc sp.* são exemplos de cianobactérias de organização filamentosa que, além de realizarem fotossíntese aeróbia, produção de hidrogênio e fixação de nitrogênio, são capazes de sintetizar ficobiliproteínas, que são pigmentos fotossintéticos com propriedades nutracêuticas, antioxidante, anti-inflamatória, anticancerígena e antiviral. Devido a sua natureza não tóxica, fluorescência e estabilidade, as ficobiliproteínas vêm substituindo, de forma gradativa, os corantes artificiais na indústria alimentícia, como os da classe azo e trifenilmetano, considerados nocivos à saúde. Com base nisso, este trabalho foi desenvolvido a fim de extrair e purificar as principais ficobiliproteínas, ficoeritrina, ficocianina e aloficocianina, a partir das cepas *Nostoc sp.* e *Anabaena variabilis* por sistemas aquosos bifásicos polímero/sal. A extração celular foi obtida pelo método de ruptura com esferas de vidro. Na etapa de purificação, utilizando o polímero PEG1500, avaliou-se o efeito de três tipos diferentes de sal: fosfato de potássio, sulfato de amônio e citrato de sódio. Os resultados demonstraram que a concentração de ficobiliproteínas foi ligeiramente maior na cepa *Nostoc sp.*. Para a condição PEG1500/fosfato, as proteínas tendem a migrar para a fase polímero, enquanto que para as condições PEG1500/citrato de sódio e PEG1500/sulfato de amônio, a concentração das ficobiliproteínas é maior na fase sal. Assim, conclui-se que o método de purificação é uma alternativa interessante na obtenção de ficobiliproteínas, devido ao seu baixo custo e recuperação de proteínas de alto valor industrial. A implementação do sistema aquoso bifásico em larga escala deve ser otimizada, a fim de que se obtenha uma maior eficácia de separação proteica e reduza possíveis problemas ambientais.

Palavras-chave: Ficobiliproteínas, Cianobactérias, Sistemas aquosos bifásicos.

PRODUÇÃO DE ETANOL POR *Kluyveromyces marxianus* A PARTIR DE PERMEADO DE SORO DE LEITE EM PÓ

Larissa Cadeo Hulm¹; Marcela Guedes Bento²; Alexandre Zanelli dos Santos²; Rodrigo Latanze²; Miriam Verginia Lourenço^{1,2}

¹Unidade de Biotecnologia, Universidade de Ribeirão Preto, Ribeirão Preto, SP.

²Centro de Tecnologia e Desenvolvimento Agroindustrial, Universidade de Ribeirão Preto, Ribeirão Preto, SP.

E-mail do autor correspondente: laryhulm@hotmail.com

O uso do soro de leite na produção de etanol tem se mostrado uma alternativa viável na reutilização desse subproduto, desde que o teor de lactose no mesmo seja concentrado. A ultrafiltração do soro possibilita a obtenção de permeados mais concentrados em lactose que permite o uso do mesmo na fermentação alcoólica de forma economicamente viável. Atualmente esse permeado é encontrado no mercado na sua forma em pó, entretanto com teores de proteína que, embora baixos, atrapalham a fermentação. Baseado nisso um estudo da utilização do permeado de soro em pó (PSP) foi realizado objetivando verificar a influência dessas proteínas sobre a fermentação alcoólica pela levedura *Kluyveromyces marxianus*. Para isso foram preparados mostos com PSP a 18% de lactose, divididos em dois tratamentos: (1) o mosto foi submetido a filtração para a retirada das proteínas precipitadas e (2) o mosto foi utilizado diretamente na fermentação sem filtração. As fermentações foram realizadas em erlenmeyer contendo 300 mL de mosto, um inóculo de 2×10^8 células/mL, sendo mantidas a 35°C, sob agitação de 130 rpm, por 40 horas, em condições assépticas. Amostras foram colhidas periodicamente para o monitoramento do consumo de açúcar e produção de etanol. O experimento foi realizado em duplicata. Através dos resultados obtidos foi possível verificar que nos experimentos onde a proteína foi retirada, o teor alcoólico foi de 8,32% (m/v) após 38 h de fermentação, enquanto que na fermentação onde havia a presença de proteína no mosto o teor alcoólico foi de 3,82% (m/v). Esses dados mostram que a presença de proteína no mosto interferiu negativamente na velocidade de produção de etanol.

Palavras-chave: Soro de Leite, Fermentação Alcoólica, *Kluyveromyces marxianus*.

IMPLANTAÇÃO DE CONTROLE BIOLÓGICO EM CULTIVO DE SOJA UTILIZANDO *Trichoderma* sp., *Beauveria* sp. E *Purpureocillium* sp EM LUCAS DO RIO VERDE-MT

Átila Josué Pereira¹; Brener Magnabosco Marra¹; Eduardo Dal Forno²; José Carlos de Magalhães¹

¹Laboratório de Microbiologia e Enzimologia, Departamento de Química, Biotecnologia e Engenharia de Bioprocessos (DQBIO), Campus Alto Paraopeba, UFSJ, Ouro Branco, MG;

²Cooperativa de Desenvolvimento Agrícola (CODEAGRI), Lucas do Rio Verde, MG.

E-mail do autor correspondente: atilajp@live.com

O controle biológico é uma estratégia na qual se aplicam agentes bióticos, normalmente micro-organismos, com a finalidade de reduzir a população de pragas e doenças na agricultura. Espécies fúngicas, cujas ações não estão bem elucidadas na literatura, para os quais não há relatos de tratamento com três gêneros co-inoculados em conjunto. Com o intuito de potencializar a ação individual dos agentes, os três grupos, *Trichoderma* sp., *Beauveria* sp. e *Purpureocillium* sp. foram co-inoculados. A variedade de soja escolhida para realização do ensaio foi a LG 60163 IPRO INOX. Os fungos foram crescidos isoladamente, e, após a esporulação, os esporos foram coletados e aplicados aos testes em campo. O ensaio foi constituído separadamente de cinco tratamentos, com uma repetição cada. Os inóculos fúngicos foram aplicados simultaneamente com cinco tratamentos diretamente em sulcos de plantio, nesta ordem: 1: 10Lt/ha de fixação biológica de nitrogênio (50 doses de *Bradyrhizobium* + *Azospirillum*) gerou 3.007,9Kg/ha; 2: 2Lt/ha de Acrescent Solus + Solução de $2,5 \times 10^{-8}$ esporos (*Beauveria* + *Purpureocillium* + *Trichoderma*) gerou 3.166,66Kg/ha; 3: 1Lt/ha Nematicida (X) gerou 2.539,68Kg/ha; 4: 2Lt/ha de Carbon Solo gerou 2.619,04Kg/ha; 5: 2Lt/ha de Carbon Solo + 1Lt/ha Nematicida (X) gerou 2.500,00Kg/ha. O tratamento 2 apresentou o melhor resultado, observou-se uma produção 15,8% maior, comparada à produção média de todos os tratamentos. Estudos estão sendo conduzidos pelo nosso grupo no sentido de elucidar o efeito em outras culturas.

Palavras-chave: Controle biológico, Controle Fúngico, Soja.

Fomento: FAPEMIG, CNPQ, UFSJ.

ANÁLISE DA ATIVIDADE ANTIVIRAL DE ALCALOIDES SINTÉTICOS NA REPLICAÇÃO DO VÍRUS CHIKUNGUNYA

Daniel Oliveira Silva Martins¹; Débora Moraes de Oliveira¹; Jacqueline Farinha Shimizu²; Zsófia Iglói³; Mark Harris³; Ana Carolina Gomes Jardim^{1,2}

¹Laboratório de Virologia, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG

²Laboratório de Estudos Genômicos, Instituto de Biociências, Letras e Ciências Exatas, Universidade Estadual Paulista “Júlio Mesquita Filho” UNESP, São José do Rio Preto, SP

³Instituto de Biologia Molecular e Celular, Faculdade de Ciências Biológicas, Universidade de Leeds, Leeds

E-mail do autor correspondente: danielosmartins@gmail.com

O vírus Chikungunya (CHIKV) é um vírus de RNA, pertencente à família *Togoviridae* e é transmitido pelo mosquito *Aedes sp.* Os pacientes infectados pelo vírus são acometidos pela Febre Chikungunya e apresentam sintomas clínicos como febres severas e dores incapacitantes. Atualmente não existe tratamento antiviral ou vacina contra o CHIKV demonstrando a necessidade de estudos para a identificação de agentes antivirais específicos. Os compostos naturais são uma alternativa, entretanto, apresentam algumas limitações, como dificuldade de purificação e tempo para obtenção. Uma alternativa para superar essas limitações é a síntese de compostos com base em moléculas naturais. O presente trabalho teve como objetivo avaliar o efeito de alcaloides sintéticos na replicação do CHIKV *in vitro*. Ao atingirem 80% de confluência, células Huh 7.5 foram transfectadas com o mRNA do replicon subgenômico CHIKV-NCT e selecionadas com puromicina. As células selecionadas, ou seja, aquelas que expressam continuamente o mRNA do replicon subgenômico, foram tratadas com alcaloides sintéticos por 72 horas. Após esse período foram realizados ensaios de MTT e Luciferase para avaliar a viabilidade celular e replicação celular, respectivamente. Foram utilizados como controle DMSO, Ribavirina e Crisina. Dos alcaloides testados, o tratamento das células com o FAC-2 em concentrações não tóxicas reduziu em 75,55% a replicação do replicon, demonstrando que este composto pode ser um possível candidato à antiviral no tratamento das infecções com o Chikungunya.

Palavras-chave: Chikungunya, Alcalóides sintéticos, Antivirais.

Fomento: FAPEMIG, CNPQ, *Royal Society*.

COMPOSTOS NATURAIS BRASILEIROS COMO ABORDAGEM ANTIVIRAL CONTRA O VÍRUS CHIKUNGUNYA

Débora Moraes de Oliveira¹; Daniel Oliveira Silva Martins¹; Jacqueline Farinha Shimizu²; Szófia Iglói³; Mark Harris³; Ana Carolina Gomes Jardim^{1,2}

¹Laboratório de Virologia, Universidade Federal de Uberlândia, UFU, Uberlândia, MG.

²Laboratório de Estudos Genômicos, Instituto de Biociências, Letras e Ciências Exatas, Universidade Estadual Paulista “Júlio Mesquita Filho” UNESP, São José do Rio Preto, SP.

³Instituto de Biologia Molecular e Celular, Faculdade de Ciências Biológicas, Universidade de Leeds, Leeds.

E-mail do autor correspondente: deboramoraes@hotmail.com

A febre Chikungunya, causada pelo vírus Chikungunya (CHIKV), é uma doença que tem como sintomas febre, dores musculares e dores nas articulações durante anos. Atualmente, pouco se sabe sobre a evolução desse vírus, sua disseminação, e sobre a contribuição do vetor da doença para manutenção do vírus. Ainda não existe vacina ou tratamento antiviral contra a infecção pelo Chikungunya. Compostos naturais extraídos de plantas brasileiras se apresentam como uma abordagem alternativa para novas terapias, sendo uma fonte rica para o desenvolvimento de antivirais. Deste modo, é de grande relevância testar compostos naturais para o desenvolvimento de novos antivirais e conseqüentemente para o bem da sociedade em geral. Portanto, esse trabalho teve como objetivo avaliar a atividade antiviral de alcalóides, lignanas e flavonas extraídos de plantas brasileiras *Maytenus ilicifolia* (APS), *Peperomia blanda* (3*43, 3*20 e 5*362) *Pterogynes nitens* (F18 e PN2) na replicação do CHIKV. Para avaliar o efeito dos compostos na replicação do CHIKV, foram utilizadas células de hepatocarcinoma Huh-7.5 linhagem estável expressando continuamente o replicon subgenômico CHIKVNCT. As células foram tratadas com os compostos naturais em diferentes concentrações por 72 horas e submetidas a ensaio viabilidade celular (MTT) e replicação (Luciferase). Dentre os compostos selecionados, o alcalóide APS e a lignana 3*20 demonstraram reduzir a replicação do chikungunya em 48,4% e 39,2% respectivamente, em uma concentração não tóxica para as células. Análises adicionais serão realizadas para avaliar o modo de ação de tais dos compostos.

Palavras-chaves: Compostos naturais, Antivirais, Chikungunya

Fomento: CNPq, Royal Society.

ÁREA VI: BIOTECNOLOGIA VEGETAL

DIVERSIDADE GENÉTICA EM SOJA PARA SELEÇÃO DE GENITORES COM TOLERÂNCIA À FERRUGEM ASIÁTICA

Luiza Amaral Medeiros¹; Ana Paula Oliveira Nogueira¹; Raphael Henrique Oliveira da Silva¹; Isabella de Castro Silveira¹; Beliza Queiroz Vieira Machado¹; Carlos Sebastião Machado Júnior¹; Osvaldo Toshiyuki Hamawaki¹; Raphael Lemes Hamawaki¹

¹Programa de Melhoramento e Estudos Genéticos de Soja, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

E-mail do autor correspondente: luizaamaral.m@gmail.com

A ferrugem-asiática causada pelo fungo *Phakopsora pachyrhizi*, está entre as doenças que mais acometem o cultivo da soja e possui alto potencial de redução da produtividade. A utilização de cultivares tolerantes ao fungo e precoces estão entre as estratégias de manejo da doença. Objetivou-se neste estudo avaliar a diversidade genética em genótipos de soja para fins de seleção de genitores com tolerância à ferrugem asiática. O experimento foi realizado na Fazenda Capim Branco, pertencente à UFU na safra 2015/2016. Avaliaram-se 15 linhagens de soja desenvolvidas no Programa de Melhoramento Genético de Soja da UFU e 3 cultivares (TMG 801, BR SO GO 7560 e TMG 803) com tolerância à ferrugem asiática. O experimento foi instalado em delineamento de blocos completos casualizados com 3 repetições. Cada parcela foi constituída de 4 fileiras de plantas com 5 m de comprimento. Avaliaram-se os caracteres altura da planta, comprimento e largura da folha trifoliolada, comprimento da raque e pecíolo, número de nós na haste principal e severidade da ferrugem asiática. Os dados foram submetidos à análises estatística univariada e multivariada com auxílio do Programa Genes. Verificou-se pela distância generalizada de Mahalanobis que os genitores mais semelhantes foram os genótipos L110 e Vila Rica, e os mais divergentes foram os UFUS 69 e UFUS 54. Estabelecendo um corte a 50% da distância pelo dendrograma da ligação média intragrupo (UPGMA), os genótipos foram separados em seis grupos, sendo que um grupo foi constituído por apenas um genótipo. Pela análise da contribuição relativa dos caracteres pela metodologia de Singh (1981) notou-se que a altura de planta no florescimento e severidade da ferrugem asiática foram os caracteres que mais contribuíram para a divergência, com 26,38% e 21,6% respectivamente. Considerando como atributos favoráveis menor severidade da ferrugem asiática e altura da planta foi possível indicar os cruzamentos entre os genótipos UFUS 69, UFUS 54, L15 e L139.

Palavras-chave: *Glycine max*, *Phakopsora pachyrhizi*, Diversidade genética.

Fomento: FAPEMIG, CNPq, CAPES.

MÉTODOS DE AGRUPAMENTO NO ESTUDO DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE ALGODOEIRO

Danilo Araújo Gomes¹; Bruna Cardoso Gomes¹; Elvécio Gomes da Silva Júnior¹; Guilherme Hugo da Silva Costa¹; Melissa Martins de Araújo¹; Michel de Carvalho Reis¹; Morgana Coelho Mamede¹; Larissa Barbosa de Sousa¹

¹Universidade Federal de Uberlândia, UFU, Uberlândia, Brasil.

E-mail do autor correspondente: daniloaraujoufuagro@gmail.com

A disponibilidade de diferentes genótipos é de extrema importância nos programas de melhoramento, pois, é a partir destes que se gera variabilidade genética para o processo de seleção. Existem diferentes métodos de análises para separar genótipos de um grupo original, em vários subgrupos. O trabalho teve como objetivo avaliar a variabilidade genética entre genótipos de algodoeiro por meio de diferentes métodos de agrupamento e identificar o genótipo mais divergente. O experimento foi conduzido na Fazenda Capim Branco pertencente à Universidade Federal de Uberlândia (UFU) - Uberlândia, Minas Gerais, na safra 2014/2015. Foram avaliados 21 genótipos de algodoeiro. O delineamento experimental usado foi o de blocos casualizados (DBC) com 4 repetições e a parcela constituiu-se de cinco linhas de cinco metros, espaçadas 0,90 metros entre si. Os caracteres avaliados foram teor de clorofila A e B, número de ramos reprodutivos, altura de inserção do primeiro ramo reprodutivo, número de maçãs de primeira, segunda, terceira e quarta posição, largura e comprimento foliar, produtividade de algodão em caroço e rendimento de fibra. Para as análises multivariadas realizadas foram utilizados o método de otimização de Tocher e agrupamento pelo método hierárquico da ligação média entre grupos (UPGMA). Formaram-se três grupos distintos para ambas as metodologias de agrupamento. No grupo I ficou alocado a maior quantidade de genótipos, seguido do grupo II. No grupo III ficou apenas a linhagem L1 do PROMALG-UFU, em ambos os métodos. Houve correspondência de alocação em cada grupo para todos os genótipos, com exceção das linhagens L13 e L18, que no agrupamento de Tocher ficaram isoladas (grupo II) e no UPGMA ficaram no grupo I com a maioria dos genótipos. Pelos métodos de Tocher e UPGMA foi possível identificar que existe variabilidade entre os genótipos de algodoeiro do PROMALG-UFU e que a linhagem L1 é a mais divergente.

Palavras-chave: *Gossypium hirsutum* L., Diversidade genética, Melhoramento.

Fomento: CNPq, FAPEMIG, AMIPA.

ANÁLISES MULTIVARIADAS NA IDENTIFICAÇÃO DE GENITORES DIVERGENTES EM SOJA

Layssa Carrilho Giaretta¹; Osvaldo Toshiyuki Hamawaki¹; Cristiane Divina Lemes Hamawaki²; Ana Paula Oliveira Nogueira¹; Géssyca Ferreira Gomes¹; Raphael Lemes Hamawaki³; Nathália Salgado Silva¹; Luanna Almeida de Oliveira¹

¹Programa de Melhoramento de Soja da UFU, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

²Instituto Master Presidente Antônio Carlos, Araguari, MG.

³Department of Plant, Soil & Agricultural Systems, Southern Illinois University Carbondale, IL, USA

E-mail do autor correspondente: ana.paula@ufu.br

A seleção de genitores é uma das etapas do melhoramento genético de fundamental importância para obtenção de populações segregantes com variabilidade genética. Sabe-se que o ideal é a seleção de genitores com bom desempenho e ainda divergentes. É comum em programas de melhoramento a seleção de linhagens elite em fase final de avaliação para serem incluídas em blocos de cruzamento. Nesse aspecto, o estudo de divergência genética torna-se uma ferramenta importante nos programas de melhoramento, pois auxilia a melhoria na escolha dos parentais. Objetivou-se nesta pesquisa avaliar a diversidade genética entre linhagens e cultivares de soja com uso de caracteres fenotípicos. Avaliaram-se 22 genótipos de soja, sendo vinte linhagens selecionadas para precocidade e uma cultivar (UFUS 6901). Adotou-se o delineamento de blocos completos casualizados com três repetições. Cada parcela foi constituída por quatro fileiras de plantas de soja, espaçadas em 0,5m. A área útil da parcela consistiu das duas fileiras centrais, eliminando-se 0,5 de cada extremidade. A semeadura foi realizada em 25 de novembro de 2015. Na parcela útil determinaram-se o número de dias para o florescimento e a maturidade, a altura da planta no florescimento e maturidade, o peso de cem grãos, o vigor das plantas, a produtividade de grãos e a porcentagem de mancha púrpura na semente. Os dados foram submetidos à análise estatística com o Programa Genes. Observou-se diversidade genética entre as linhagens e cultivares, pois a distância Euclidiana oscilou de 0,52 (entre as linhagens 15 e 19) a 2,87 (entre as linhagens 13 e 14). Pelo dendrograma da ligação média entre grupos, um corte estabelecido em 60% da distância, notou-se a formação de oito grupos. Pelo agrupamento de Tocher os genótipos constituíram seis grupos. Conclui-se que pelas análises multivariadas com dados fenotípicos foi possível identificar genótipos divergentes e como potencial de serem genitores.

Palavras-chave: *Glycine max*, Melhoramento, Genitores.

Fomento: FAPEMIG, CAPES, CNPq.

EFICIÊNCIA PRODUTIVA DE LINHAGENS DE SOJA EM GRUPIARA-MG

Géssyca Ferreira Gomes¹; Osvaldo Toshiyuki Hamawaki¹; Ana Paula Oliveira Nogueira¹; Gabriel Lemes Jorge¹; Beliza Queiroz Vieira Machado¹; Thúlio Pereira Mattos¹; Carlos Sebastião Machado Júnior¹; Nathália Salgado Silva¹

¹Programa de Melhoramento de Soja da UFU, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

E-mail do autor correspondente: gessyca_fg@hotmail.com

A cultura da soja [*Glycine max* (L.) Merrill] é uma cultura de grande importância no cenário mundial e brasileiro, pois além de apresentar elevados teores de óleo e proteína, é responsável em captar divisas internacionais para o Brasil em função do complexo soja (grão-óleo-farelo). O Brasil é o segundo maior produtor e o maior exportador mundial de soja. A obtenção de cultivares de soja com elevados potenciais genéticos para a produtividade de grãos é um dos principais objetivos dentro de um programa de melhoramento. Deste modo, o objetivo do trabalho foi avaliar o potencial produtivo de linhagens de soja em Grupiara-MG. O experimento foi instalado em delineamento experimental de blocos completos casualizados, com três repetições, no dia 22/11/2015. Avaliaram-se 22 genótipos de soja, sendo 21 linhagens e uma cultivar (UFUS 6901). Cada parcela foi composta por quatro linhas de plantas de soja com espaçamento de 0,5 m, sendo a parcela útil constituída pelas duas fileiras centrais, desprezando-se 0,5 m de cada extremidade. Determinou-se a produtividade de grãos de cada parcela e realizou-se a correção para 14% de umidade dos grãos. Os dados foram submetidos à análises estatísticas com o Programa Genes. Detectou-se variabilidade genética entre os genótipos avaliados, indicando haver linhagens com potencial produtivo distinto. O coeficiente de variação foi de 14,31%, indicando boa precisão experimental. As médias de produtividade de grãos dos genótipos foram separadas em dois grupos, sendo a maior produtividade verificada na linhagem L232 com 3381,67 kg ha⁻¹, e a menor observada na linhagem L249, cuja média foi de 2644,17 kg ha⁻¹. Conclui-se que foi possível identificar linhagens com potencial para se tornarem futuras culturas, considerando aquelas com maior produtividade de grãos e que necessitam serem testadas em mais ambientes de adaptação.

Palavras-chave: *Glycine max*, Genótipos de soja, Produtividade de grãos.

Fomento: FAPEMIG, CAPES, CNPq.

COMPONENTES PRINCIPAIS E AGRUPAMENTO DE TOCHER EM ESTUDO DE DIVERSIDADE GENÉTICA EM SOJA

Mariana Silva Vianna¹; Alex Júnio Machado de Oliveira¹; Ana Paula Oliveira Nogueira¹; Osvaldo Toshiyuki Hamawaki²; Cristiane Divina Lemes Hamawaki²; Filipi Cardoso Bernardes¹; Géssyca Ferreira Gomes¹; Layssa Carrilho Giaretta¹

¹Programa de Melhoramento de Soja da UFU, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

²Instituto Master Presidente Antonio Carlos, Araguari, MG.

E-mail do autor correspondente: mariana.vianna11@hotmail.com

Estudos sobre divergência genética no melhoramento vegetal é indispensável, uma vez que concede a identificação de genitores adequados com o intuito de obter híbridos com maior efeito heterozigótico e que proporcionem maior segregação. Estimativas de distâncias genéticas, como a distância Euclidiana e com posterior agrupamento por métodos hierárquicos ou de otimização permitem encontrar genitores divergentes. Objetivou-se avaliar genótipos de soja quanto à divergência genética por métodos multivariados. Realizou-se o experimento na Fazenda Capim Branco, da Universidade Federal de Uberlândia, na safra 2014/2015. Avaliaram-se 23 genótipos de soja em delineamento de blocos casualizados com três repetições. Determinaram-se o comprimento do hipocótilo e epicótilo, altura da planta na maturidade, números de nós, comprimentos de internódios, altura de inserção da primeira vagem, número de vagens, e produção de grãos. Obteve-se a distância Euclidiana e, em seguida, os dendrogramas pelos métodos vizinho mais próximo, vizinho mais distante e da ligação média intragrupo (UPGMA) e o agrupamento de Tocher. As análises foram realizadas no Programa Genes. O método do vizinho mais próximo foi o mais sensível no agrupamento entre os genótipos, resultando em 16 grupos, bem como a ocorrência de 10 grupos individuais, de modo que cada um continha um genótipo, enquanto que pelos métodos vizinho mais distante e UPGMA observou-se 5 e 6 grupos respectivamente. Pelo método de Tocher os genótipos constituíram 9 grupos, dos quais, três deles foram formados por um genótipo. Verificou-se que o padrão de agrupamento de Tocher com o vizinho mais próximo foi mais coerente. Pela dispersão gráfica 2D dos 23 genótipos foi possível observar a existência de 3 grupos, sendo um constituído pelo genótipo 21 e os outros dois dos demais genótipos. Conclui-se que o genótipo 21 é o mais divergente sendo considerado potencial genitor no programa de melhoramento genético de soja.

Palavras-chave: *Glycine max*, Análise multivariada, Melhoramento.

Fomento: CAPES, FAPEMIG, CNPq.

DIVERSIDADE MOLECULAR DE *Varronia curassavica* DO SUL DO ESPÍRITO SANTO

Leonardo Humberto Silva e Castro¹; Lindomar de Souza Machado¹; Natália Grancieri¹; Amanda Lima Batista²; Cecília Silva Valente¹; Paulo César Cavatte³

¹Pós graduação em Genética e Melhoramento; ²Graduação em Biologia; ³Professor Adjunto, Universidade Federal do Espírito Santo (UFES), CEP 29.5000-000, Alegre-ES.

E-mail do autor correspondente: leonardohumbertoagro@hotmail.com

O Brasil apresenta cerca de 25% da biodiversidade global com potencialidade para a produção de fitoterápicos, com destaque, a *Varronia curassavica*, popularmente conhecida como erva baleeira. Entretanto, são escassas informações sobre a diversidade genética de populações naturais, as quais são cruciais para a conservação e exploração sustentável da espécie. O objetivo deste trabalho foi caracterizar molecularmente genótipos de *V. curassavica* de diferentes populações nativas do Sul do Estado do Espírito Santo, com variações de altitude, para compará-los com genótipos pré-melhorados. Foram selecionados dezenove indivíduos de diferentes populações nativas da espécie e três genótipos pré-melhorados da UNICAMP, os quais foram propagados vegetativamente por miniestacas, cultivados sob condições de casa de vegetação na área experimental da UFES. Folhas jovens foram selecionadas para a extração de DNA pelo método CTAB. As regiões com microssatélites foram amplificadas através de PCR, utilizando *primers* pré-desenvolvidos. Com os dados obtidos, foi realizada a análise de agrupamento empregando-se o método UPGMA, utilizando a distância Euclidiana, com o uso do programa estatístico R. Os agrupamentos foram identificados após a aplicação do índice ponderado. Ficou evidenciada a existência de variabilidade entre os genótipos, com base na distância relativa de 0,7 formando quatro grupos com similaridade genética. Não houve relação entre os genótipos procedentes da mesma região geográfica ou de altitudes semelhantes. O primeiro grupo reuniu sete genótipos, o segundo e o terceiro, ambos com seis. Os genótipos pré-melhorados da UNICAMP formaram um único grupo, divergindo-se dos demais. Configurando-se assim, genótipos com potencialidade para trabalhos de melhoramento genético de fitoterápicos.

Palavras-chave: SSR, Erva baleeira, Caparaó Capixaba.

Fomento: Fundação de Amparo à Pesquisa do Espírito Santo – FAPES.

DISSIMILARIDADE GENÉTICA EM GENÓTIPOS DE SOJA UTILIZANDO CARACTERES FENOTÍPICOS DA FASE VEGETATIVA

Isabel Cristina de Sá Miranda¹; Ana Paula Oliveira Nogueira¹; Raphael Henrique Oliveira da Silva¹; Osvaldo Toshiyuki Hamawaki¹; Mariana Silva Vianna¹; Gabriel Silva Lemes¹; Gustavo Augusto Ávila¹; Bruna Alves Mundim Borges¹

¹Programa de Melhoramento Genético de Soja, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia - MG.

E-mail do autor correspondente: bebelmiranda4@hotmail.com

A proteção de uma cultivar é garantida desde que seja comprovado a distinguibilidade, homogeneidade e estabilidade, pelos testes de DHE. Essa diferenciação é feita respeitando uma margem mínima de descritores específicos de cada espécie. Hoje, utiliza-se 37 descritores na diferenciação dos cultivares de soja, contudo, é necessário ampliar a lista dos descritores, dado que os mesmos estão insuficientes para distinguir as cultivares, devido a base genética estreita. Dessa maneira, o presente trabalho tem como objetivos estimar a variabilidade e diversidade genética entre genótipos de soja, utilizando descritores adicionais da fase vegetativa. O experimento foi conduzido em casa de vegetação localizada na Fazenda Capim Branco (18°52'S; 48°20'W e 805m de altitude). Os tratamentos foram constituídos por doze genótipos de soja (UFUS Milionária, UFUS Carajás, UFUS Riqueza, UFUS Capim Branco, UFUS Guarani, UFUS Impacta, UFUS Xavante, UFUS Vila Rica, UFUS Guará, UFUS Tupi, Msoy 8866 e TMG 803). Adotou-se o delineamento inteiramente casualizados com três repetições. A semeadura foi realizada em 25 de janeiro de 2014. Avaliaram-se as características comprimento de hipocótilo, comprimento de epicótilo e altura de planta no estágio V4. Para todos os caracteres detectou-se existência de variabilidade genética ao nível de 5% de probabilidade pelo teste F. O coeficiente de variação oscilou entre 10,09 e 14,25%. Pela distância generalizada de Mahalanobis (D^2), a maior distância obtida foi entre os genótipos UFUS Milionária e TMG 803, com valor de D^2 de 198,92, e menor foi entre as cultivares UFUS Guarani e UFUS Tupi, com D^2 de 2,21. Pela análise da contribuição relativa dos caracteres, observou-se que o caráter comprimento de epicótilo foi o que mais contribuiu para a divergência com 83,74%. Os caracteres avaliados permitiram diferenciar cultivares de soja, sendo úteis como descritores adicionais e em estudos de diversidade genética.

Palavras-chave: *Glycine max*, Descritores, Diversidade genética.

Fomento: FAPEMIG, CAPES, CNPq.

IDENTIFICAÇÃO DE BEGOMOVIRUS NO VETOR MOSCA BRANCA (*Bemisia tabaci*)

Mônica Neli Alves¹; Rafaela Salgado Fontenele²; Marcio Martinello Sanches²; Fernando Lucas Melo³; Arvind Varsani⁴; Simone G. Ribeiro²

¹Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG

²Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

³Universidade de Brasília, Brasília, DF

⁴University of Canterbury, Christ Church, Nova Zelândia

E-mail do autor correspondente: monicanelialves@gmail.com

Begomovirus são vírus de DNA circular fita simples transmitidos pelo vetor mosca branca (*Bemisia tabaci*) e infectam plantas dicotiledôneas causando prejuízos a diversas culturas como feijão e tomate. Seu genoma pode ser monopartido ou bipartido, no qual as moléculas são denominadas DNA-A e DNA-B. A mosca branca é um inseto que suga a seiva do floema causando danos às plantas diretamente ao se alimentar da seiva, ou indiretamente, ao transmitir vírus patogênicos como begomovirus. A diversidade de begomovirus presentes em plantas hospedeiras tem sido amplamente estudada, no entanto, informações sobre a diversidade viral no vetor *Bemisia tabaci* são escassas. Moscas brancas encontradas em plantas de soja e algodão, e amostras do tecido vegetal, foram coletadas em Minas Gerais para análise. O DNA total das amostras de mosca branca e das plantas foi extraído utilizando o método CTAB. Após a extração do DNA, foi realizada uma amplificação por círculo rolante (RCA) utilizando a enzima phi-29 DNA polimerase para enriquecimento viral nas amostras. O produto da RCA das moscas brancas foi enviado para sequenciamento de alto desempenho (NGS). Na análise do sequenciamento foram encontrados dois *contigs* referentes ao DNA-A e DNA-B do begomovirus Sida micrantha mosaic virus (SiMMV). *Primers* sobrepostos foram desenhados para amplificação do genoma completo de SiMMV nas amostras. Os produtos da PCR foram clonados e sequenciados. Apenas a amostra de moscas brancas encontradas em algodão foi positiva na PCR e os clones obtidos confirmaram a presença do DNA-A e DNA-B de SiMMV. Os primers serão utilizados para verificar a presença de SiMMV nas amostras de tecido vegetal. Esse estudo mostra que a técnica NGS é uma ferramenta eficaz para a identificação de begomovirus em inseto vetor. Além disso, a avaliação da diversidade de begomovirus nas moscas brancas pode ser utilizada como forma de monitoramento da comunidade viral em uma determinada região, prevenindo a emergência de novas doenças.

Palavras-chaves: Begomovirus, *Bemisia tabaci*, NGS.

Fomento: CNPq, Embrapa, FapDF.

ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE SOJA QUANTO AO COMPRIMENTO DO HIPOCÓTILO E EPICÓTILO

Daniel Gomes Nascimento¹; Ana Paula Oliveira Nogueira¹; Osvaldo Toshiyuki Hamawaki¹; Raphael Henrique Oliveira da Silva¹; Sílvia Barbosa Ferreira¹; Luiza Amaral Medeiros¹; Jorge Henrique Gomes Santana¹; Thúlio Pereira Mattos¹

¹Programa de Melhoramento de Soja da UFU, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

E-mail do autor correspondente: daniel.gnascimento@hotmail.com

Entre os requisitos para proteção de cultivares estão os ensaios de distinguibilidade, homogeneidade e estabilidade, denominados testes DHE. Para diferenciar as cultivares de soja são utilizados atualmente trinta e sete descritores, incluindo os obrigatórios e adicionais. Contudo, estes estão insuficientes para distinguir as cultivares candidatas à proteção, em razão da estreita base genética da soja brasileira. Alguns pesquisadores têm indicado o comprimento do hipocótilo e epicótilo como opção de descritores adicionais, no entanto, pelo fato deles serem caracteres quantitativos, há alta influência ambiental na expressão fenotípica. Nesse contexto, o uso de cultivares padrões de maior estabilidade é uma alternativa para serem adotadas como referência na caracterização e diferenciação de novas cultivares. Objetivou-se nesta pesquisa avaliar a estabilidade de cultivares de soja quanto aos caracteres comprimento de hipocótilo e epicótilo. O experimento foi realizado em casa de vegetação do Programa de Melhoramento e Estudos Genéticos em Soja localizada na Fazenda Capim Branco pertencente à Universidade Federal de Uberlândia. Avaliaram-se oito cultivares de Soja (UFUS Milionária, UFUS Carajás, UFUS Riqueza, UFUS 7415, UFUS Guarani, UFUS Impacta, UFUS Xavante e UFUS Vila Rica) em duas épocas de semeadura, realizadas em 25/01/2014 e 27/11/2014. Pela análise da variância conjunta, verificaram-se a ocorrência interação genótipos por ambientes para os caracteres comprimento do hipocótilo e epicótilo, demonstrando comportamento diferencial de genótipos de soja com alteração da época de semeadura. Pela metodologia de Wricke as cultivares mais estáveis foram UFUS 7415 e UFUS Riqueza, cujas estimativas de W_i foram de 0,42% e 1,12%. Por outro lado, as cultivares menos estáveis foram UFUS Carajás e UFUS Xavante com parâmetro W_i de 32,75% e 41,90%. Conclui-se que foi possível identificar cultivares de soja com alta estabilidade para o comprimento do hipocótilo e epicótilo.

Palavras-chave: *Glycine max*, Melhoramento, Descritores adicionais.

Fomento: CAPES, FAPEMIG, CNPq.

ATIVIDADE ANTIRRADICALAR E ANTILIPOPEROXIDAÇÃO DE *Chrysophyllum cainito* L.

Gustavo Rafagnin Martins¹; Luciana Pereira da Silva²; Regildo Márcio Gonçalves da Silva³

¹Universidade Estadual Paulista, Instituto de Química de Araraquara

²Laboratório de Fitoterápicos, Departamento de Ciências Biológicas, Universidade Estadual Paulista;

³Fundação Educacional do Município de Assis (FEMA)

E- mail autor correspondente: martins.grb@gmail.com

O estresse oxidativo é uma condição biológica em que ocorre desequilíbrio entre produção de radicais livres e as defesas do organismo, gerando uma condição que provoca e contribui no processo de envelhecimento, inflamação crônica, doenças neurodegenerativas, câncer e diabetes. Compostos fenólicos de origem vegetal têm ativos antirradicalares que podem prevenir e reduzir os efeitos deletérios dos processos oxidativos. Nesse contexto, *Chrysophyllum cainito* (abiu ou caimito), com diversas utilizações populares, pode ser fonte de compostos fenólicos que atuam reduzindo efeitos do estresse oxidativo. Diante disso, este estudo teve como objetivo avaliar a atividade antirradicalar e antilipoperoxidação do extrato hidroetanólico (70%) da polpa e casca de frutos de *C. cainito*. As atividades foram determinadas pelos métodos DPPH (*diphenyl-1-picrylhydrazyl*), TBARS (*Thiobarbituric acid reactive substances*) e sequestro de NO, além disso, foi quantificado o conteúdo polifenólico dos mesmos, fenóis totais por *Folin ciocauteu* e flavonoides totais pela complexação por AlCl₃. Os resultados da avaliação antirradicalar da polpa e casca na concentração de 1000µg/ml apresentaram atividade, respectivamente, para DPPH 4,45% e 60,34% de sequestro do radical DPPH, no teste TBARS 18,9% e 22,56% de inibição de peroxidação lipídica, para o teste de sequestro de NO 18,5% e 46,31% de redução do nitrito livre. Nas quantificações de compostos fenólicos, para a polpa foram encontrados 72,37µg de fenóis totais em ácido gálico equivalentes (AGE) e 21,45µg de flavonoides totais em rutina equivalentes (RE), para a casca foram encontrados 90,34µg de fenóis totais (AGE) e 30,4 µg de flavonoides totais (RE), resultados por mg de extrato. Os extratos da polpa e casca do fruto de *C. cainito*, apresentaram atividade antirradicalares, possivelmente relacionados aos compostos dosados, fenóis e flavonoides, que podem ser aplicados fonte de compostos fenólicos antioxidantes.

Palavras-chave: Polifenóis, Estresse oxidativo, DPPH.

Fomento: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – CAPES.

CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS E GENOTÍPICAS ENTRE CARACTERES AGRONÔMICOS EM SOJA

Gabriel Lemes Jorge¹; Ana Paula Oliveira Nogueira¹; Osvaldo Toshiyuki Hamawaki¹; Thúlio Pereira Mattos¹; Raphael Lemes Hamawaki²; Nathalia Salgado Silva¹; Makyslano Rezende da Rocha; Luanna Almeida de Oliveira¹

¹Programa de Melhoramento de Soja da UFU, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

²Department of Plant, Soil & Agricultural Systems, Southern Illinois University Carbondale, IL, USA

E-mail do autor correspondente: gabriellemes_13@hotmail.com

A seleção de genótipos superiores é um desafio para os melhoristas de plantas, pois os principais caracteres alvos de melhoramento são de natureza quantitativa. Nesse contexto, o entendimento das correlações entre caracteres permite avaliar a possibilidade de sucesso pela seleção indireta para um caráter quantitativo de baixa herdabilidade e/ou difícil mensuração. Objetivou-se neste estudo avaliar as correlações fenotípicas e genotípicas entre caracteres agronômicos de soja. A pesquisa foi realizada na estação experimental da Universidade Federal de Uberlândia – UFU, localizada em Uberlândia-MG. Avaliaram-se quatorze genótipos de soja (doze genótipos desenvolvidos pelo Programa de Melhoramento de Soja da UFU e duas cultivares BRSGO 7560 e TMG 801) em delineamento de blocos completos casualizados, com quatro repetições. Cada unidade experimental foi constituída por quatro fileiras de plantas de soja com 5 metros de comprimento e espaçadas em 0,50m. Em cada parcela determinaram-se o número de dias para o florescimento e maturidade e em cinco plantas amostradas aleatoriamente, a altura da planta (AP), o número de nós na haste principal (NNH), o número de vagens (NV) e a produção de grãos (PG). Os dados foram analisados com auxílio do Programa Genes. As correlações fenotípicas de alta magnitude, isto é, superior a 0,7, foram todas superadas pelas correlações genotípicas, evidenciando predominância de efeitos genéticos para as correlações. A causa permanente de correlações entre caracteres é atribuída à pleiotropia, fenômeno pelo qual um mesmo gene pode influenciar dois caracteres. Apresentaram altas correlações NDF e NDM, NNM com os caracteres NDF, NDM, APM, o caráter APM com os caracteres NDF, NDM, e NTV com PROD. Conclui-se que os caracteres número de nós e número de vagens são úteis para a seleção indireta de genótipos de soja com alta produtividade de grãos.

Palavras-chave: *Glycine max*, Melhoramento genético, Seleção.

Fomento: CAPES, FAPEMIG, CNPq.

RESPOSTA *IN VITRO* A DIFERENTES ESPECTROS DE LUZ NO CRESCIMENTO DE PLÂNTULAS E CALOS DE *Solanum aculeatissimum* JACQ. E SUA RELAÇÃO COM A PRODUÇÃO DE SOLASODINA

Luciana Arantes Dantas¹; Anielly Monteiro Melo¹; Lucas Anjos Souza^{1,2}; Paulo Sérgio Pereira¹; Fabiano Guimarães Silva^{1,2}

¹Instituto Federal Goiano, Campus Rio Verde, GO.

²Instituto Federal Goiano - Rede Arco Norte, Campus Rio Verde, GO.

E-mail do autor correspondente: dra.luciana@hotmail.com

A espécie *Solanum aculeatissimum* Jacq. possui em sua estrutura o metabolito solasodina cuja aplicação é valiosa na síntese de medicamentos esteroidais. Portanto, objetivou-se avaliar a influência de diferentes espectros de luz [branca (300-750 nm), azul (400-490 nm), verde (490-560 nm), amarelo (560-590 nm) e vermelho (600-700 nm)] sobre a produção de biomassa e do metabolito solasodina em plântulas e calos. O estabelecimento *in vitro* foi realizado por meio da germinação das sementes em meio MS 50%, 30 g L⁻¹ de sacarose, 3,5 g L⁻¹ ágar e pH 5,7 ± 0,03, mantidas sob fotoperíodo de 16 horas com irradiância de 45-55 μmol m⁻² s⁻¹. Plântulas micropropagadas e calos com 15 dias após repicagem foram expostos a diferentes espectros de luz por mais 15 dias. Os resultados demonstraram que os diferentes comprimentos de onda não induziram produção de biomassa diferencial em calos e plântulas. Em calos, a produção de solasodina foi maior sob exposição da luz vermelha e no escuro; já em plântulas, não houve diferença na produção. Além disso, o teor de solasodina em calos foi superior ao produzido em plântulas, sugerindo que o sistema de cultivo *in vitro* de calos, em uma perspectiva biotecnológica de produção de solasodina, é mais interessante que o cultivo de plântulas, pois pelos resultados os calos são mais responsivos ao elicitador e, desse modo, é possível sugerir meios para maximizar a produção desse metabolito nessas condições de cultivo.

Palavras-chave: Biomassa, Radiação, Elicitação.

Fomento: CAPES, CNPq.

IDENTIFICAÇÃO DE NOVOS DESCRITORES MORFOLÓGICOS PARA DISTINGUIR CULTIVARES DE SOJA

Nathália Salgado Silva¹; Ana Paula Oliveira Nogueira¹; Tuneo Sedyama²; Osvaldo Toshiyuki Hamawaki¹; Carlos Sebastião Machado Júnior¹; Anna Regina Tiago Carneiro¹; Luciana Mitiko Takahashi¹; Veranice Silviane Borges Alves¹

¹Programa de Melhoramento e Estudos Genéticos de Soja, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

²Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

E-mail do autor correspondente: ana.paula@ufu.br

Com a criação da Lei de Proteção de Cultivares, o número de novas cultivares de soja aumentou expressivamente no Brasil. Para obtenção do certificado de proteção é necessário comprovar a distinguibilidade, homogeneidade e estabilidade da cultivar. A diferenciação das cultivares é realizada com 37 descritores específicos da soja. Contudo, estes estão insuficientes para diferenciar as cultivares devido à estreita base genética da soja brasileira, sendo necessário identificar novos descritores. Objetivou-se neste trabalho avaliar a variabilidade fenotípica do comprimento do penúltimo e último internódio a partir do ápice da planta em cultivares de soja. O trabalho foi conduzido na casa de vegetação da Universidade Federal de Viçosa. Os tratamentos consistiram em 46 cultivares de soja (A7002, A7003, A7004, A7006, BRS213, BRS 214, BRS 215, BRS 216, BRS 230, BRS 232, BRS 239, BRS 240, BRS 244, BRS 246, BRS 255, BRS 256, BRS 257, BRS 263, CD204, CD210, CD 215, CD 221, CD 222, IAC 100, Impacta, Ipameri, Indiara, M-SOY 108, M-SOY 5942, M-SOY 6101, M-SOY 7204, M-SOY 7373, M-SOY 7501, M-SOY 7575RR, M-SOY 7894, M-SOY 7900, M-SOY 8000, M-SOY 8008RR, M-SOY 8336RR, M-SOY 8527RR, M-SOY 8866, M-SOY 8787, M-SOY 8925 RR, M-SOY 8998, M-SOY 9001, M-SOY 9056RR). Adotou-se o delineamento de blocos casualizados com três repetições. Cada unidade experimental foi representada por um vaso cultivado com duas plantas. Avaliou-se o comprimento do penúltimo e último internódio da haste principal com paquímetro digital. Verificou-se existência de variabilidade genética em soja para ambos os caracteres. Quanto ao comprimento do último internódio, notou-se a separação das cultivares em cinco grupos, sendo que as médias oscilaram de 3,64 a 107,80mm. O comprimento do penúltimo internódio permitiu separar as cultivares em cinco grupos e as médias variaram de 2,15 a 83,60mm. Conclui-se que o comprimento do penúltimo e último internódio, da haste principal, permite distinguir os cultivares de soja.

Palavras-chave: *Glycine max*, Proteção de cultivar, Internódio.

Fomento: FAPEMIG, CNPq, Capes.

AGRUPAMENTO DE LINHAGENS E CULTIVARES DE SOJA DE CICLO PRECOCE QUANTO AO DESEMPENHO PRODUTIVO

Filipi Cardoso Bernardes¹; Osvaldo Toshiyuki Hamawaki¹; Cristiane Divina Lemes Hamawaki²; Ana Paula Oliveira Nogueira¹; Gabriel Lemes Jorge¹; Raphael Lemes Hamawaki³; Beliza Queiroz Vieira Machado¹; Fernanda Gabriela Teixeira¹

¹Programa de Melhoramento de Soja da UFU, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

²Instituto Master Presidente Antonio Carlos, Araguari, MG.

³Department of Plant, Soil & Agricultural Systems, Southern Illinois University Carbondale, IL, USA

E-mail do autor correspondente: filipicardoso78@hotmail.com

O melhoramento genético da soja tem contribuído para a expansão e incremento da produção da soja brasileira. Entre os objetivos preconizados no melhoramento da soja está a precocidade e a produtividade de grãos. Após a obtenção das linhagens é fundamental avaliar o seu desempenho produtivo para determinar seu potencial de ser lançada como uma nova cultivar. O objetivo deste estudo foi avaliar a variabilidade fenotípica e identificar linhagens superiores de soja quanto a produtividade de grãos. Avaliaram-se 22 genótipos de soja, sendo vinte linhagens selecionadas para precocidade e duas cultivares (UFUS 6901 e NA5909RR) em Grupiara-MG. Adotou-se o delineamento de blocos casualizados com três repetições. Cada parcela foi constituída por quatro fileiras de plantas de soja, espaçadas em 0,5m. A área útil da parcela consistiu das duas fileiras centrais, eliminando-se 0,5 de cada extremidade. A semeadura foi realizada em 21 de novembro de 2015. Na parcela útil determinaram-se o número de dias entre a emergência à maturidade (estádio fenológico R8) e a produtividade de grãos que foi extrapolada para kg ha⁻¹. Os dados foram submetidos à análise estatística com o Programa Genes. Quanto ao ciclo total observou-se variabilidade de 93 a 105 dias, caracterizando todos os genótipos como precoces. O coeficiente de variação foi de 14,1%, indicando boa precisão experimental e, também, inferior ao limite de 20% estabelecidos em ensaios de valor de cultivo e uso em soja. Verificou-se que 51,56% da variabilidade fenotípica da produtividade de grãos foi devido às causas genéticas. Pelo teste de agrupamento Scott-Knott, notou-se a divisão dos genótipos em dois grupos, sendo que o primeiro incluiu onze genótipos com produtividade de grãos oscilando entre 2920,83 a 3580,33 kg ha⁻¹. O segundo grupo reuniu onze genótipos cujas produtividades de grãos variaram de 2215,00 a 2843,33 kg ha⁻¹. Conclui-se que foi possível identificar dez linhagens com produtividade de grãos superiores.

Palavras-chave: *Glycine max*, Melhoramento genético, Produtividade de grãos.

Fomento: FAPEMIG, CNPq, CAPES.

INFLUÊNCIA DO TAMANHO DA SEMENTE NO COMPRIMENTO DO HIPOCÓTILO EM CULTIVARES DE SOJA

Jorge Henrique Gomes Santtana¹; Ana Paula Oliveira Nogueira¹; Osvaldo Toshiyuki Hamawaki¹; Danilo Araújo Gomes²; Higon Pereira Costa²; Veranice Silviane Borges Alves¹; Isabella de Castro Silveira¹; Luiza Amaral Medeiros¹

¹Programa de Melhoramento e Estudos Genéticos de Soja, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

²Curso de Agronomia da UFU.

E-mail do autor correspondente: ana.paula@ufu.br

Uma nova cultivar pode ser protegida desde que atenda aos requisitos de distinguibilidade, homogeneidade e estabilidade. Em soja, a diferenciação da cultivar candidata à proteção em relação às outras cultivares é feita com 37 descritores. Contudo, estes estão insuficientes para diferenciar as cultivares. Assim, alguns pesquisadores sugerem o comprimento do hipocótilo como descritor adicional, mas há questionamentos sobre a influência do tamanho da semente no comprimento do hipocótilo e, ainda, se este caráter pode ser avaliado em laboratório. Objetivou-se neste estudo avaliar a influência do tamanho da semente no comprimento do hipocótilo de cultivares de soja e se é possível diferenciar cultivares em testes feitos em laboratório. O trabalho foi realizado no Laboratório de Análise de Sementes da Universidade Federal de Uberlândia. Avaliaram-se 9 tratamentos em esquema fatorial 3 x 3, cujos fatores foram 3 cultivares (UFUS 6901, UFUS 7401 e UFUS 7415) e 3 tamanhos de semente (Classificadas em peneiras 11, 12 e 13 - leia-se 11/64 pol. ou 4,4mm; 12/64 ou 4,8mm, e 13/64 ou 5,2mm, respectivamente). Adotou-se o delineamento de blocos casualizados com 3 repetições. Vinte sementes de cada tratamento foram dispostas em folhas de papel germitest previamente embebidas em água, sendo posteriormente as folhas enroladas e levadas ao germinador por um período de cinco dias, à 25°C. Determinou-se com régua o comprimento do hipocótilo das plântulas. Os dados foram analisados no Programa Genes. Observou-se existência de variabilidade genética entre as cultivares quanto ao comprimento do hipocótilo, entretanto, ocorreu interação significativa para os fatores cultivares e tamanho da semente. Para UFUS 6901 o tamanho da semente não influenciou o comprimento do hipocótilo, ao passo que para UFUS 7401 o tamanho P11 promoveu maior comprimento. Conclui-se que o comprimento de hipocótilo determinado em laboratório permite diferenciar cultivares de soja e é um descritor em potencial.

Palavras-chave: *Glycine max*, Proteção de cultivar, Descritor.

Fomento: FAPEMIG, CNPq, CAPES.

DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE NOVENTA E OITO CULTIVARES DE SOJA COM CARACTERES DA SEMENTE

Thúlio Pereira Mattos¹; Ana Paula Oliveira Nogueira¹; Tuneo Sedyama; Daniel Gomes Nascimento¹; Osvaldo Toshiyuki Hamawaki¹; Sílvia Barbosa Ferreira¹; Fernanda Gabriela Teixeira¹; Cristiane Divina Lemes Hamawaki¹

¹Programa de Melhoramento e Estudos Genéticos de Soja, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

²Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG

E-mail do autor correspondente: thuliomattos@hotmail.com

A soja está entre as principais culturas do agronegócio brasileiro. O melhoramento genético e o desenvolvimento de tecnologias de produção foram fatores que impulsionaram o estabelecimento e expansão da soja no Brasil. A criação de novas cultivares com alta produtividade de grãos e resistentes aos fatores bióticos e abióticos englobam os objetivos prioritários de um programa de melhoramento de soja, mas para que se tenha sucesso nesta atividade é essencial a existência de diversidade genética, especialmente na soja brasileira que é de base genética estreita. Neste aspecto, é indispensável a contínua avaliação da diversidade genética entre as cultivares. Objetivou-se determinar a divergência genética entre 98 cultivares de soja com base em caracteres fenotípicos da semente. Realizaram-se duas repetições, sendo avaliadas cinco sementes de cada cultivar por repetição. Em cada semente foi determinado com auxílio de um paquímetro digital o seu comprimento (C), largura (L) e espessura (P) e, obtidos os coeficientes C/P, C/L e P/L. Os dados foram submetidos às análises uni e multivariadas com o Programa Genes. Para todos os caracteres avaliados, verificaram-se a existência de variabilidade genética ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F. Os coeficientes de determinação de genótipo foram todos superiores a 90%, evidenciando a predominância de efeitos genéticos na variabilidade fenotípica. Além disso, a razão do coeficiente de variação genético e o coeficiente de variação ambiental foram superiores a unidade, denotando a possibilidade de sucesso em melhoramento visando alterar o tamanho da semente. Pela distância generalizada de Mahalanobis verificou-se a divergência genética entre as cultivares, o que permitiu separá-la em sete grupos distintos, sendo que três deles foram constituídos por apenas uma cultivar. Conclui-se que caracteres fenotípicos da semente de soja permitem o estudo de diversidade genética e, conseqüentemente, a identificação de genitores divergentes.

Palavras-chave: *Glycine max*, Variabilidade, Diversidade genética.

Fomento: FAPEMIG, CNPq, CAPES.

AÇÃO ANTILIPEROXIDAÇÃO E ANTIRRADICALAR DE *Cimicifuga racemosa* UTILIZADA PARA OS SINTOMAS DE CLIMATÉRIO

Amanda da Costa Gomes¹; Célia Cristina Malagutti Figueiredo¹; Janine Mailho Gimenis¹; Luciana Pereira Silva³; Regildo Márcio Gonçalves da Silva^{1,2}

¹Instituto de Química, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – Araraquara – SP;

²Laboratório de Fitoterápicos, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – Campus Assis – SP;

³Fundação Educacional do Município de Assis (FEMA)

E-mail autor correspondente: amandafarmacutica.acg@gmail.com

O estresse oxidativo é uma condição fisiopatológica preponderante ao desencadeamento de processos degenerativos (mutações no DNA e danos na membrana celular) que implicam no envelhecimento precoce, síndromes metabólicas e câncer. Atualmente, é grande a busca por ativos antioxidantes; a *Cimicifuga racemosa*, é utilizada no combate aos sintomas do climatério, devido à presença de (flavonoides) fitoestrógenos em sua composição sendo uma espécie com potencial antirradicalar. Este estudo teve por objetivo avaliar o potencial antirradicalar e antilipoperoxidação do extrato seco do fitoterápico *C. racemosa*, por meio de testes *in vitro*. O extrato seco padronizado de *C. racemosa* foi obtido em farmácia de manipulação acompanhado de certificação de qualidade físico-química e microbiológica. A atividade antirradicalar foi determinada pelos métodos de sequestro do radical DPPH e potencial redutor de Ferro (FRAP), já a atividade antilipoperoxidação foi determinada pela inibição de hemólise oxidativa. Também foram determinados os polifenóis totais pelo método de Folin ciocauteau na concentração de 10mg/mL. Os testes foram realizados em triplicata nas concentrações de 3, 5 e 10mg/mL. Na avaliação antirradicalar para a concentração de 5mg/mL o extrato seco de *C. racemosa* apresentou maior atividade (80%) entre as concentrações avaliadas sendo que o padrão ácido gálico (100µg/mL) apresentou 74,35%, para o teste do DPPH, enquanto que no teste FRAP o extrato demonstrou maior potencial na concentração de 10mg/ml (14,99µM ET/g de extrato seco). Já para o teste de inibição de hemólise, a concentração de 1mg/mL apresentou (57,87% de hemólise) na quinta hora de leitura. Na determinação de polifenóis totais o extrato apresentou 14,31mg EAG/g de extrato seco. Diante dos resultados obtidos, *C. racemosa* apresenta potencial para emprego em formulações farmacêuticas e cosméticas com ação antirradicalar e antilipoperoxidação.

Palavras-chave: Polifenóis, Estresse oxidativo, DPPH.

Fomento: CAPES.

EFEITO ANTIRRADICALAR E ANTILIPOPEROXIDAÇÃO DO EXTRATO DE *Moringa oleífera*

Janine Mailho Gimenis¹, Amanda da Costa Gomes¹, Célia Cristina Malagutti Figueiredo¹,
Luciana Pereira Silva³, Regildo Márcio Gonçalves da Silva^{1,2}

¹Instituto de Química, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – Araraquara – SP; ²Laboratório de Fitoterápicos, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – Campus Assis – SP;

³Fundação Educacional do Município de Assis (FEMA)

E- mail autor correspondente: jmgimenis@yahoo.com.br

Moringa oleífera é uma árvore amplamente cultivada e considerada como uma planta com muitas utilidades e aplicações. Entre essas, inclui sua utilização como alimento funcional e de suas sementes se extrai um material utilizado para a clarificação de água e um óleo para a produção de biocombustíveis, entre outras aplicações. Na medicina popular ela é empregada como medicamento para diferentes doenças e sintomas e estes benefícios têm sido associados com metabólitos presentes em sua composição, como os compostos fenólicos, vitaminas e proteínas contra o estresse oxidativo. Desta forma, o objetivo do trabalho foi avaliar o potencial antioxidante do extrato hidroetanólico das folhas de *Moringa oleífera*, por meio de testes *in vitro* e quantificar fenóis do mesmo. Para o preparo do extrato hidroetanólico as folhas de *Moringa oleífera* foram coletadas no campus da UNESP em Assis-SP e o extrato foi preparado por maceração. A atividade antirradicalar foi determinada pelo método de sequestro do radical DPPH e teste do potencial de redução do Fe³⁺ (FRAP) e para a ação antilipoperoxidação (TBARS). Os testes foram realizados em triplicata nas concentrações de 3,0 e 5,0mg/mL. O extrato na concentração de 5,0mg/ml apresentou maior atividade em todos os testes. No sequestro de radical livre de DPPH, o extrato apresentou 80,84% de atividade antioxidante enquanto que o padrão ácido gálico (100µg/mL) apresentou 87,06%. No teste FRAP, o extrato apresentou 488,33uM Equivalente Trolox/g de extrato. E no teste de peroxidação lipídica o extrato apresentou 44,80% TBARS enquanto que o padrão ácido gálico (1000µg/mL) apresentou 49,59%. Para a determinação de polifenóis totais pelo método *FolinCiocalteau* concentração de 10mg/mL apresentou 596,89mg EAG/g de extrato seco. Diante disso foi possível constatar que *M. oleífera* possui potencial para ser utilizada como fonte de compostos antirradicalares e antilipoperoxidação na indústria alimentícia, cosmética e de medicamentos, devido também a presença de polifenóis.

Palavras-chave: FRAP, TBARS, Polifenóis .

HIDRÓLISE ENZIMÁTICA NA CONVERSÃO DE LIGNOCELULOSE DE PLANTAS FORRAGEIRAS EM ETANOL DE 2ª GERAÇÃO (E2G)

Adailma Américo de Oliveira¹; Karina Santos Silva¹; Carlos André Gonçalves¹; Narcisa Silva Soares¹; Claudia Regina Soares Guimarães¹; Regiane Medeiros Ferreira¹

¹Laboratório de Biologia Molecular e Bioquímica, Curso Ciências Biológicas, Instituto Luterano de Ensino Superior de Itumbiara (ILES/ULBRA).

E-mail autor correspondente: narcisassoares@gmail.com

A hidrólise das frações macromoleculares da biomassa vegetal vem tornando-se cada vez mais promissora para produção dos biocombustíveis, como o etanol de 2ª geração (E2G). Essa nova geração representa vantagens ambientais e econômicas por ser o etanol produzido a partir de lignocelulose, presente em resíduos de origem vegetal. O uso de plantas forrageiras com alto teor de glicose e crescimento rápido apresenta-se como uma alternativa competitiva com uso dessa tecnologia. O desafio na produção do E2G é despolimerizar a lignina da parede celular para permitir rendimentos mais elevados e menores custos de processamento. Este estudo foi desenvolvido para verificar o potencial da hidrólise enzimática em biomassa vegetal de capim *Brachiaria brizantha* cv. *Marandu* na conversão de lignocelulose em etanol E2G. O material biológico utilizado foi secado, triturado e tratado com ácido sulfúrico a 0,1M, sendo então submetido à hidrólise enzimática pelo mix das enzimas alfa-amilase e glucoamilase, respectivamente Liquozyme® LpH e Spirizyme® Achieve, as quais possui ação de liquefação e sacarificação. Posteriormente, realizou-se o processo de fermentação com o uso da levedura *Saccharomyces cerevisiae* e destilação do etanol. Os resultados demonstraram que o pré-tratamento foi eficaz para quebra da parede celular do capim. A conversão da lignocelulose em etanol apresentou um rendimento médio de 5%, evidenciando que as enzimas foram eficientes na disponibilização dos açúcares (hexose e pentose) presentes na folha do capim para o processo de fermentação. Entretanto, quando comparado na literatura à conversão de biomassa do bagaço da cana-de-açúcar em etanol E2G, em média 15%, o rendimento dessa espécie forrageira ainda é baixo. Levando em consideração a importância de novas fontes de bioenergia, principalmente no uso de lignina residual, novas abordagens com plantas forrageiras são necessárias para busca de processos de hidrólise economicamente viáveis.

Palavras-chave: Capim braquiária, Glucoamilase, Etanol.

Fomento: Ulbratex rede de inovação.

ACÇÃO ANTILIPEROXIDAÇÃO E ANTIRRADICALAR DO EXTRATO SECO DE *Tribulus terrestris* L.

Célia Cristina Malagutti Figueiredo¹; Amanda da Costa Gomes¹; Janine Mailho Gimenis¹;
Luciana Pereira Silva²; Regildo Márcio Gonçalves da Silva³

¹Instituto de Química de Araraquara, Universidade Estadual Paulista.

²Fundação Educacional do Município de Assis (FEMA).

³Laboratório de Fitoterápicos, Departamento de Ciências Biológicas, Faculdade de Ciências e Letras de Assis, Universidade Estadual Paulista.

E- mail autor correspondente: celiamalagutti@hotmail.com

A atividade antioxidante é observada como eliminadoras de radicais livres, os quais, em excesso, são associados com o câncer, doença cardiovascular, cataratas, diminuição do sistema imunológico e disfunção cerebral. Terapias alternativas e / ou complementares estão sendo estudadas e avaliadas, e entre eles há o preparo de ervas, chamados de medicamentos à base de plantas. Este estudo teve como objetivo avaliar o potencial antioxidante do extrato seco de *Tribulus terrestris* através de ensaios *in vitro*. A atividade antioxidante foi determinada pelos métodos de sequestro do radical DPPH, e por inibição da hemólise oxidativa. Foram também determinados os polifenóis totais pelo método de Folin-Ciocalteu. Os resultados expressos em mg de equivalente de ácido gálico (EAG). Os testes foram realizados em triplicata em concentrações de 250, 500, 1000 e 2000µg/ml. Na avaliação antioxidante para a concentração de 10 mg / mL o extrato seco de *T. terrestris* apresentou uma maior atividade (75,96%) entre as concentrações avaliadas, para o ensaio de DPPH. O ensaio de inibição de hemólise, a concentração de 1 mg / ml mostrou (7,86% de hemólise) na sexta hora de leitura. Na determinação de polifenóis totais o extrato apresentou 220,58 mg/EAG/g de extrato seco. De acordo com os resultados obtidos, o extrato seco de *T. terrestris* mostrou potencial para sua utilização em formulações antioxidantes. A atividade avaliada pode ser correlacionada com os polifenóis encontrados e quantificadas no extrato.

Palavras-chave: Polifenóis, Estresse oxidativo, DPPH.

RESPOSTAS DE GENÓTIPOS DE SOJA EM ESTRESSE HÍDRICO INDUZIDO POR PEG 6000

Isabella de Castro Silveira¹; Roberta Siqueira Afonso¹; Ana Paula Oliveira Nogueira¹; Osvaldo Toshiyuki Hamawaki¹; Leonardo Campos Faria⁴; Cristiane Divina Lemes Hamawaki²; Isabel Cristina de Sá Miranda¹; Anna Regina Tiago Carneiro¹

¹Programa de Melhoramento de Soja da UFU, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

²Instituto Master Presidente Antônio Carlos, Araguari, MG.

³Department of Plant, Soil & Agricultural Systems, Southern Illinois University Carbondale, IL, USA.

⁴Fertilizantes Heringer, Uberaba, MG.

E-mail: isabellacs10@hotmail.com

O déficit hídrico está entre os principais fatores abióticos limitantes para as culturas agrícolas. Neste sentido, o desenvolvimento de cultivares tolerantes ao estresse hídrico é um objetivo preconizado em programas de melhoramento genético, sendo, portanto, necessário a caracterização de cultivares em condições de estresse. Objetivou-se nesta pesquisa avaliar o comprimento de plântulas de cultivares de soja convencional e transgênica submetidas ao déficit hídrico induzido por PEG 6000. O experimento foi realizado no Laboratório de Análise de Sementes da Universidade Federal de Uberlândia (UFU). Avaliaram-se 25 tratamentos em esquema fatorial 5 x 5, cujos fatores foram 5 cultivares (UFUS 7415; UFUS 7801; UFUS 8301; CD 2728 IPRO e CD 237 RR) e 5 potenciais osmóticos (0; -0,1; -0,2; -0,3 e -0,4 MPa). Adotou-se o delineamento de blocos completos casualizados com 4 repetições. Foram preparadas as soluções de PEG 6000, com os diferentes potenciais osmóticos, e todas as folhas Germistet foram embebidas nas suas respectivas soluções. As parcelas foram constituídas por dois rolos com 50 sementes e cada uma foi colocada em um saco plástico, para manter o potencial osmótico de cada parcela. Todas as parcelas foram mantidas em germinador por um período de cinco dias, à 25°C e posteriormente, determinou-se o comprimento de plântulas com o auxílio de uma régua milimetrada. Observou-se que todas as cultivares tiveram seu comprimento total reduzido à medida que o potencial osmótico foi reduzido. A cultivar UFUS 7801 apresentou os menores valores de comprimento total em todos os potenciais osmóticos. Já a cultivar CD 237 RR obteve maiores estimativas de comprimento total nos potenciais osmóticos 0,0; -0,3 e -0,4 MPa. Conclui-se que comprimento de plantas permitiu diferenciar cultivares de soja em condições de estresse hídrico por PEG 6000 e poderá ser útil da identificação de genótipos de soja com maior potencial de crescimento em condições de déficit hídrico.

Palavras-chave: *Glycine max*, Estresse hídrico, Cultivares.

Fomento: FAPEMIG, CNPq, CAPES.

CORRELAÇÃO ENTRE CARACTERES DE FRUTOS DE PEQUIZEIRO SEM E COM ESPINHO NO ENDOCARPO

Mariana Gonçalves Mendes^{1,2}; Luanna Almeida Oliveira²; Raphael Henrique Oliveira da Silva²; Ana Maria Bonetti^{1,2}; Ana Paula Oliveira Nogueira²

¹Laboratório de Genética, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

²Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

E-mail do autor correspondente: ana.paula@ufu.br

O pequi (*Caryocar brasiliense* Cambess.) é uma espécie frutífera nativa do Cerrado brasileiro, que possui importância econômica, nutricional e social para as populações que dela dependem como fonte de renda. O caroço do fruto do pequi apresenta espinhos no endocarpo o que prejudica sua maior apreciação. Na região de São José do Xingu (MT), uma árvore de pequi sem espinho no endocarpo foi encontrada e isso permite o melhoramento do pequi não só para o consumo, mas também para seu melhor aproveitamento econômico. Em programas de melhoramento genético, ao longo do processo de seleção, tem-se como objetivo melhorar um caráter principal, manter ou aprimorar a expressão de outros caracteres simultaneamente. Dessa forma, o conhecimento das relações existentes entre caracteres, tais como estimados pelas correlações, tem sido de grande relevância no melhoramento vegetal, pois fornece informações úteis ao pesquisador e auxiliam no processo seletivo. Os objetivos deste trabalho foram avaliar as correlações fenotípicas e genotípicas entre caracteres do fruto de pequi sem e com espinho no caroço determinando características que facilitem os futuros processos de seleção para melhoramento. Os frutos foram coletados de duas plantas que produzem pequi com espinho no endocarpo e duas plantas que produzem pequi sem espinho, sendo assim quatro genótipos foram analisados. Foram avaliados oito caracteres do fruto e do caroço: altura do fruto, largura do fruto e peso do fruto, largura do caroço, comprimento do caroço, peso do caroço, espessura da polpa, largura da castanha. Com base nos resultados da avaliação dos caracteres dos frutos e caroços de pequi foram realizadas análises de correlação. As correlações genotípicas tiveram, predominantemente, magnitude superior às correlações fenotípicas. A partir das correlações fenotípicas e genotípicas identificaram-se largura do caroço e comprimento do caroço como caracteres que podem ser utilizados na identificação e seleção de frutos de pequi determinando se apresentam ou não espinhos no endocarpo.

Palavras-chave: *Caryocar brasiliense* Cambess, Seleção, Melhoramento.

Fomento: FAPEMIG, CNPq, CAPES.

ATIVIDADE ANTIRRADICALAR E FOTOPROTERORA DOS EXTRATOS DE *Hancornia speciosa*

Salviano Francisco Chagas Filho^{2,3}; Gustavo Rafagnin Martins¹; Amanda da Costa Gomes¹; Luciana Pereira da Silva²; Regildo Márcio Gonçalves da Silva³

¹Universidade Estadual Paulista, Instituto de Química de Araraquara.

²Laboratório de Fitoterápicos, Departamento de Ciências Biológicas, Universidade Estadual Paulista.

³Fundação Educacional do Município de Assis (FEMA).

E- mail autor correspondente: salvianofco@hotmail.com

A ação dos raios UVA e UVB sobre a pele pode ocasionar uma série de danos, que incluem fotoenvelhecimento e câncer. Estudos têm demonstrado que extratos e compostos de origem vegetal possuem ação fotoprotetora e antirradicalar. Portanto, são passíveis de aplicação tanto na utilização tópica protegendo contra UV, quanto interna protegendo contra o envelhecimento devido principalmente a potencialidade antioxidante dos mesmos. Diante disso, este trabalho objetivou avaliar *in vitro* a atividade antioxidante e absorção de radiação UV de extratos hidroetanólico e etanólico de *Hancornia speciosa*. A atividade fotoprotetora foi determinada pela varredura dos extratos utilizando espectrofotômetro entre os comprimentos de onda de 200 a 360 nm. A atividade antirradicalar foi determinada pelo método DPPH e foram determinados os teores de polifenóis totais. Os testes foram realizados em triplicata e nas concentrações de 25, 50, 75, 100, 250, 500 e 1000µg/ml. Para avaliação fotoprotetora os extratos da de *H. speciosa* apresentaram elevada absorção na faixa de UVA e UVB, sendo mais elevada para o extrato hidroetanólico, na concentração de 500µg/ml entre os comprimentos de onda de 290-360nm, onde foi observado uma absorbância máxima próxima de 1,3 e o extrato etanólico apresentou 2,7 na mesma faixa de absorbância. Na avaliação antirradicalar para concentração de 1000µg/ml o extrato etanólico apresentou 73,52% de atividade. Já o extrato hidroetanólico apresentou 72,91% na mesma concentração. O conteúdo fenólico para a concentração de 1000µg/ml o extrato etanólico apresentou 25,65µg de AGE e o Hidroetanólico 37,9µg de AGE. Para a quantificação de flavonoides totais para a concentração de 1000µg/ml o extrato etanólico apresentou 196,05µg de RE e para o hidroetanólico 327,16µg de RE. Os extratos etanólico e hidroetanólico de *H. speciosa* avaliados apresentaram uma absorção significativa de radiação UV e atividade antirradicalar.

Palavras-chave: Polifenóis, Estresse oxidativo, DPPH.

ATIVIDADE ANTIRRADICALAR E ANTILIPOPEROXIDAÇÃO DO FITOTERÁPICO A BASE DE *Mucuna pruriens* UTILIZADA NA PRÁTICA ESPORTIVA

Luana Renóbio Borges da Silva¹; Amanda da Costa Gomes²; Kamille Dalek Spera²; Luciana Pereira Silva³; Regildo Márcio Gonçalves da Silva¹

¹Laboratório de Fitoterápicos, Departamento de Ciências Biológicas, Universidade Estadual Paulista.

²Instituto de Química de Araraquara, Universidade Estadual Paulista.

³Fundação Educacional do Município de Assis (FEMA).

E- mail autor correspondente: lurenofio@hotmail.com

O estresse oxidativo está relacionado a diversas doenças, entre elas o câncer, onde os danos no DNA causados pelos radicais livres desempenham um papel importante nos processos de mutagênese e carcinogênese. Isso ocorre devido a um desequilíbrio entre a formação e a neutralização de radicais livres, que buscam estabilidade através de emparelhamento de elétrons com macromoléculas biológicas tais como proteínas, lipídeos e DNA, o que leva a danos nas células humanas. As plantas são fonte rica de moléculas que sequestram radicais livres, principalmente os compostos fenólicos e vitaminas. Este estudo teve por objetivo avaliar o potencial antioxidante do extrato seco do fitoterápico a base de *Mucuna pruriens* utilizada na prática esportiva, por meio de testes *in vitro*. O extrato seco padronizado de *M. pruriens* foi obtido em farmácia de manipulação e a atividade antioxidante foi determinada pelos métodos de sequestro do radical DPPH, potencial redutor de Ferro (FRAP) e pela inibição de lipoperoxidação (TBARS). Também foram determinados os polifenóis totais pelo método de Folin ciocauteau na concentração de 0,5mg/ml. Os testes foram realizados em triplicata nas concentrações de 0,25, 0,5 e 1mg/ml. Na avaliação antioxidante para a concentração de 0,25mg/ml o extrato seco de *M. pruriens* apresentou maior atividade (84%) entre as concentrações avaliadas sendo que o padrão ácido gálico (100µg/ml) apresentou 74,35%, para o teste do DPPH, enquanto que no teste FRAP o extrato demonstrou maior potencial na concentração de 0,25mg/ml (2815,9µM ET/g de extrato seco). Já para o teste TBARS, a concentração de 1 mg/ml apresentou 81,37% de inibição da lipoperoxidação. Na determinação de polifenóis totais o extrato apresentou 304,89mg EAG/g de extrato seco. Diante dos resultados obtidos, *M. pruriens* apresenta potencial para emprego formulações antioxidantes em suplemento em práticas esportivas.

Palavras-chave: Esportes, Estresse oxidativo, TBARS.

AÇÃO ANTIRRADICALAR E DETERMINAÇÃO DE POLIFENÓIS DO EXTRATO DE *Annona cacans*

Kamille Daleck Spera¹; Luciana Pereira Silva²; Regildo Márcio Gonçalves da Silva¹

¹Universidade Estadual Paulista (UNESP) – Instituto de Química de Araraquara.

²Fundação Educacional do Município de Assis (FEMA).

E-mail do autor correspondente: kamille.spera@hotmail.com

Estudos com extratos vegetais demonstram que os mesmos podem conter compostos de interesse farmacológico para tratar e/ou prevenir os danos celulares causados pelo estresse oxidativo. A busca por novos compostos com interesse farmacológico nas plantas tem demonstrado que espécies nativas do cerrado, como o *Annona cacans* (araticum-cagão) apresentam substâncias medicinais que ainda são pouco conhecidas, e podem ter potencial aplicação em diferentes terapias. O presente estudo teve por objetivo determinar a atividade antirradicalar e fotoatividade dos extratos de *A. cacans* e também determinar polifenóis presentes nos extratos. A capacidade antirradicalar foi avaliada utilizando o Teste do DPPH, a determinação dos compostos fenólicos totais foi efetuada pelo método *Folin-Ciocalteu*, o teor de flavonoides totais pela complexação do $AlCl_3$, ambos com leitura em espectrofotômetro de UV/VIS. Foi obtido também o espectro de varredura entre 290 e 320 nm dos extratos. Os resultados com maior significância foram encontrados em ambos os extratos etanólicos no teste do DPPH, a polpa com EC_{50} de 1202,40 μ g/mL, e a folha, com 793,28 μ g/mL, os valores de DPPH encontrados foram 16,01% para a polpa, e 11,48% para a folha, também na concentração de 250 μ g/mL. Quanto ao teor de flavonoides totais, os resultados encontrados foram 102,13mgEAG/g para a polpa, e 164,44mgEAG/g para folha, ambos extratos etanólicos. Na composição fenólica os valores encontrados em ambos os extratos etanólicos da polpa e folha, foram 29,18mgRE/g, e 92,83mgRE/g, respectivamente. Os maiores picos de absorbância foram do extrato etanólico da polpa foi de 0,6, no comprimento de onda de 290nm, e o do etanólico da folha foi de 0,9 em 305nm. Conclui-se que os extratos de *A. cacans* apresenta atividade antirradicalar, que pode estar associado ao teor de polifenóis, bem como absorbância na área de incidência de raios UVA-UVB.

Palavras-chave: DPPH, UVA, Fotoproteção.

Fomento: FAPESP.

AÇÃO ANTIRRADICALAR DE PROTEÍNA DE *Glycine max* PRODUZIDAS POR INDIVÍDUOS PROVENIENTES DE SEMENTES IRRADIADAS

Bianca de Arruda Leite¹; Kamille Daleck Spera²; José Gilmar Franco³; Valter Artur⁴; Luciana Pereira Silva⁵; Regildo Márcio Gonçalves da Silva¹

¹Laboratório de Fitoterápicos, Departamento de Ciências Biológicas, Faculdade de Ciências e Letras de Assis.

²Instituto de Química, Universidade Estadual Paulista - UNESP Araraquara.

³Instituto de Pesquisas Energéticas e Nucleares (IPEN).

⁴Centro de Energia Nuclear na Agricultura (CENA) da Universidade de São Paulo, Piracicaba-SP, Laboratório de Radiobiologia e Ambiente.

⁵Fundação Educacional do Município de Assis (FEMA), Assis.

E-mail do autor correspondente: bianca_leite@hotmail.com

A agricultura tem se beneficiado com o emprego de técnicas que se utiliza a radiação, onde a irradiação de alimentos reduz as perdas naturais causadas por processos fisiológicos, além de eliminar ou reduzir microrganismos, parasitas e pragas, sem causar qualquer prejuízo ao alimento, essa técnica permite também a obtenção de mutantes com características de maior produtividade, precocidade, menor porte, maior resistência a doenças, pragas e acamamento. Estes mutantes são utilizados na obtenção de novas variedades de espécies de interesse agrônomo. Diante disso, o presente estudo teve por objetivo avaliar o potencial antirradicalar da proteína de sementes de *G. max* (soja) produzidas por indivíduos provenientes de sementes irradiadas. Para tanto, realizada a extração e obtenção da proteína de soja hidrolisada por meio da hidrólise enzimática utilizando as enzimas α amilase, alcalose e flavourzyme sob temperatura controlada, obtendo assim a farinha de soja hidrolisada foi submetida ao teste antirradicalar do DPPH. O teste demonstrou que não houve diferença entre os grupos experimentais e testemunha que obtiveram uma porcentagem de atividade antirradicalar média de aproximadamente 5%. Sendo assim é possível concluir que não houve diferença na atividade antirradicalar entre as amostras de proteína de soja provenientes de sementes irradiadas e não irradiadas, demonstrando que ausência de interferência da radiação na atividade antirradicalar.

Palavras-chave: Soja, Radiação, DPPH .

Fomento: CNPq.

QUALIDADE FÍSICO-QUÍMICA DO ÓLEO DE *Glycine max* PRODUZIDAS POR INDIVÍDUOS PROVENIENTES DE SEMENTES IRRADIADAS

Rodrigo Yukio Suguimoto¹; Gustavo Franciscatti Mecina²; José Gilmar Franco³; Valter Artur⁴; Regildo Márcio Gonçalves da Silva¹

¹Laboratório de Fitoterápicos, Departamento de Ciências Biológicas, Faculdade de Ciências e Letras de Assis.

²Instituto de Química, Universidade Estadual Paulista - UNESP Araraquara.

³Instituto de Pesquisas Energéticas e Nucleares (IPEN).

⁴Centro de Energia Nuclear na Agricultura (CENA) da Universidade de São Paulo, Piracicaba-SP, Laboratório de Radiobiologia e Ambiente.

E-mail do autor correspondente: rodrigossuguimoto@gmail.com

A radiação ionizante aplicada à agricultura tem beneficiado principalmente a produção de alimentos, pois reduz as perdas naturais causadas por processos fisiológicos, além de eliminar ou reduzir microrganismos, parasitas e pragas. Somado a isso, essa técnica permite também a obtenção de mutantes com características de maior produtividade, precocidade, menor porte, maior resistência a doenças, pragas e acamamento. Estes mutantes são utilizados na obtenção de novas variedades de espécies de interesse agrônomo. Diante disso, o presente estudo teve por objetivo avaliar a qualidade físico-química do óleo extraído de sementes de *G. max* (soja) produzidas por indivíduos provenientes de sementes irradiadas, que receberam diferentes doses de radiação (25, 50, 75 e 100 Gy de Cobalto 60 (Co^{60}), tipo Gammacell-220 no CENA-USP). As análises físico-químicas abrangeram: Índice de Acidez (I.A), Índice de Saponificação (I.S.), Índice de Iodo (I.I.) seguindo os métodos, AOCS Cd-3d-63, AOCS Cd-3-25, AOCS Cd-1-25, respectivamente. Todas as determinações analíticas foram realizadas, no mínimo, em triplicatas. Os valores encontrados para I.A., para I.S. e para I.I. não diferiram da amostra de óleo obtida de semente de soja provenientes de indivíduos testemunha (sem irradiação) independente da concentração e dosagem de radiação exposta. O óleo analisado não apresentou variação físico-química em comparação com o óleo obtido de sementes não irradiadas sugerindo assim a ausência de modificações nestes parâmetros após o melhoramento genético induzido pela radiação.

Palavras-chave: Soja, Radiação, Qualidade do óleo.

Fomento: CNPq.

MORTALIDADE DE *Sitophilus zeamais* EXPOSTOS A DIFERENTES EXTRATOS DE ESPÉCIES DO GÊNERO *Tagetes*

Pamela Cristina e Santos¹; Gustavo Franciscatti Mecina¹; Luciana Pereira da Silva²; Regildo Márcio Gonçalves da Silva¹

¹Instituto de Química, Universidade Estadual Paulista - UNESP Araraquara.

²Fundação Educacional do Município de Assis (FEMA), Assis.

E-mail do autor correspondente: pam-ju@hotmail.com

A utilização frequente e indiscriminada de insumos agrícolas, como adubos e defensivos sintéticos, podem causar altos níveis de resíduos tóxicos nos alimentos, desequilíbrio biológico, contaminações ambientais, intoxicações de seres humanos e animais, entre outros efeitos diretos e indiretos. A utilização de extratos vegetais, como inseticidas alternativos, é uma forma de minimizar os problemas provocados pelos inseticidas sintéticos. A utilização do gênero *Tagetes* na agricultura orgânica é descrito em muitos estudos científicos, especialmente no cultivo de vegetais. As espécies *Tagetes erecta* L. e *Tagetes patula* L. possuem propriedades antioxidantes, larvicida, fungicida, antimicrobiana, nematocida e inseticida. Em estudos fitoquímicos realizados com estas espécies foram encontradas uma grande variedade de compostos orgânicos, incluindo aromático, tais como tiofenos, assim como os flavonóides e terpenos. Com o objetivo de verificar a possibilidade de extratos de *Tagetes* sp. serem uma alternativa adequada a utilização de inseticidas sintéticos, foram delineados bioensaios laboratoriais por meio do teste de mortalidade do inseto. Na avaliação dos bioensaios inseticidas realizados neste estudo, observou-se o efeito dos extratos de *Tagetes erecta* e *Tagetes patula* sobre adultos de *Sitophilus zeamais*, em condições laboratoriais. O CL_{50} diminuiu progressivamente com o aumento do tempo de exposição para todos os tratamentos. De acordo com os resultados obtidos é possível concluir que os extratos avaliados são eficientes quanto à mortalidade dos insetos e que os extratos de *Tagetes erecta* e *Tagetes patula* possuem compostos fitotóxicos que podem favorecer e expandir sua utilização como fonte de inseticida natural.

Palavras-chave: Inseticidas, Caruncho do milho, Agricultura orgânica.

MARCADORES MOLECULARES DO TIPO RAPD PARA ANÁLISE DE VARIABILIDADE GENÉTICA EM PIMENTA

Breno Nunes Rodrigues de Azevedo¹; Alexandre William da Costa Marra¹; Rodrigo Fernandes dos Santos¹; Gregory Gustavo S. Nogueira¹; Igor Forigo Beloti¹; Flávio Tetsuo Sasaki¹; Ana Carolina Silva Siquieroli¹; Gabriel Mascarenhas Maciel¹

¹Laboratório de Análise de Sementes e Recursos Genéticos, Universidade Federal de Uberlândia, *campus* Monte Carmelo.

E-mail do autor correspondente: gabrielmaciel@ufu.br

As pimentas pertencem ao gênero *Capsicum*, possuem frutos pequenos, com diferentes formatos, paladar pungente, embora existam pimentas doces. Podem ser consumidas *in natura*, processadas (condimentos, conservas ou corantes), ou ainda utilizadas como matéria-prima na composição de medicamentos e cosméticos. O cultivo de pimenta está entre os de espécies olerícolas de maior importância econômica no mercado hortifrutigranjeiro nacional e proporciona importante aspecto social e rentabilidade, já que o cultivo é feito predominantemente por agricultores familiares. Apesar da relevância socioeconômica, atualmente, os produtores não tem encontrado variedades disponíveis capazes de aliar produtividade com níveis satisfatórios de resistência a pragas e doenças gerando desestímulo para esta importante atividade. Os programas de melhoramento, tanto convencionais como não convencionais, consistem na produção de variabilidade genética na população seguida pela seleção dos genótipos desejáveis. Diante do exposto, o objetivo deste trabalho foi analisar a divergência genética entre genótipos de pimenta mantidos no Banco de Germoplasma do LAGEN (Laboratório de Análise de Sementes e Recursos Genéticos) da Universidade Federal de Uberlândia, *Campus* Monte Carmelo-MG. Foram analisados dez genótipos e onze *primers* que geraram bandas de intensidades variáveis, facilmente detectadas, e bandas inespecíficas que foram descartadas. Os resultados obtidos permitem concluir que existe variabilidade genética entre os acessos de pimenta avaliados. Diante disso torna-se possível utilizar deste germoplasma para subsidiar futuros programa de melhoramento genético de pimenta na região.

Palavras-chave: Diversidade genética, Pimenta, RAPD.

IDENTIFICAÇÃO DE PLOIDIA ATRAVÉS DA ANÁLISE MORFOMÉTRICA DE ESTÔMATOS EM CULTIVAR INDUZIDA DE MILHO (*Zea mays* L.)

Gabriella da Silva Mendonça Dickel¹; Rafaela Cabral Marinho²; Paulo Eugênio Alves Macedo de Oliveira¹; Aguinaldo Emerson Dickel³; Clesnan Mendes Rodrigues¹

¹Instituto de Biologia - Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

²Instituto de Genética e Bioquímica - Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

³Pesquisa - Nidera Sementes, Indianópolis, MG.

E-mail do autor correspondente: mendonca.gabriella@hotmail.com

O milho (*Zea mays* L.) está entre os cultivares mais produzidos e consumidos no mundo. Um programa de melhoramento para obter sucesso depende do desenvolvimento de linhagens elites para produzir híbridos através de vários métodos. A indução de poliploide com base na duplicação de cromossomos de plantas haploides está sendo eficaz e afeta o tamanho das células possibilitando a identificação de possíveis poliploides e testemunhas diploides. A análise estomática para estimar a ploidia apresenta-se com custo baixo comparado a outros métodos utilizados e eficaz. Objetivo do trabalho foi verificar a ploidia de uma cultivar de milho que passou por tratamento de indução de poliploide. Foram utilizadas plantas de uma linhagem de *Zea mays*, anteriormente submetidas ao tratamento de indução de ploidia proposto por Deimling, Rober, Geiger (1997) (com modificações), disponibilizadas pela empresa Nidera (Uberlândia-MG). Foi feita a impressão foliar de 20 amostras e uma testemunha, utilizando cola instantânea. As lâminas foram fotografadas em microscópio óptico com auxílio de câmera acoplada. A altura e a largura dos estômatos foram medidas com auxílio do programa ImageJ e os resultados obtidos (média, desvio padrão e erro padrão) foram submetidos ao Teste Scott-Knott utilizando o programa Sisvar. Pode-se concluir que os estômatos apresentaram parâmetro eficaz para identificação de poliploide em milho, pois a indução provocou alteração no tamanho dos estômatos quando comparado ao tamanho da planta testemunha.

Palavras-chave: Melhoramento genético, Colchicina, Células estomáticas.

Fomento: Nidera Sementes.

GENOTIPAGEM DE LINHAGENS ANÃS DE TOMATEIRO POR MARCADORES MOLECULARES

Rodrigo Fernandes dos Santos¹; Alexandre William da Costa Marra¹; Rafaela Santos de Almeida¹; Jaíne Priscila¹; Andressa Alves Clemente¹; Gregory Gustavo S. Nogueira¹; Ana Carolina Silva Siquieroli¹; Gabriel Mascarenhas Maciel¹

¹Laboratório de Análise de Sementes e Recursos Genéticos, Universidade Federal de Uberlândia, *campus* Monte Carmelo.

E-mail do autor correspondente: gabrielmaciel@ufu.br

A caracterização da divergência genética pode ser feita por meio de diferentes técnicas, entre elas o RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*), na qual fragmentos de DNA são amplificados pela PCR (*Polymerase Chain Reaction*) utilizando *primers* curtos de sequência aleatória. A sequência alvo da amplificação é desconhecida, sendo a expressão gênica dominante. Suas principais aplicações são *Fingerprinting*, diversidade genética e mapeamento genético. Entretanto, apesar de ser um marcador que apresenta baixa repetibilidade dos resultados, suas principais vantagens são o baixo custo, simplicidade de utilização e rapidez na obtenção de dados, se tornando assim um marcador eficiente e apropriado para ser utilizado em estudos de diversidade genética, em coleções de germoplasma, na distinção de acessos e no reconhecimento de materiais duplicados. Diante do exposto, o objetivo deste trabalho foi analisar a divergência genética entre as linhagens de tomate anão mantidas no Banco de Germoplasma de tomate do LAGEN (Laboratório de Análise de Sementes e Recursos Genéticos) da Universidade Federal de Uberlândia, *Campus* Monte Carmelo-MG. Foram utilizadas duas linhagens de tomate portadores do gene *Dwarf* (UFU-69-1-3 e UFU-72-1-5-2), e uma cultivar comercial Giallo, os quais são mantidas no Banco de Germoplasma de tomate do LAGEN. Cada *primer* gerou bandas de intensidades variáveis, facilmente detectadas, e bandas inespecíficas que foram descartadas. Os quatro *primers* utilizados produziram um total de 23 bandas, resultando, em média, 5,75 bandas por *primer*. Das 23 bandas obtidas, três foram polimórficas e 20 monomórficas, ou seja, em média, cada iniciador gerou 0,75 bandas polimórficas e cinco bandas monomórficas. No geral, 13% das bandas foram polimórficas. Tais resultados sugerem que exista uma similaridade genética entre as linhagens de tomate anão mantidas no Banco de Germoplasma do LAGEN.

Palavras-chave: Diversidade genética, RAPD, Tomate anão.

VARIABILIDADE GENÉTICA PARA TEORES DE CLOROFILA EM CULTIVARES DE SOJA DE CICLO TARDIO

Bruna Alves Mundim Borges¹; Ana Paula Oliveira Nogueira¹; Osvaldo Toshiyuki Hamawaki¹; Daniel Gomes Nascimento¹; Layssa Carrilho Giaretta¹; Gabriel Lemes Jorge¹; Gabriel Silva Lemes¹; Jorge Henrique Gomes Santtana¹

¹Programa de Melhoramento de Soja da UFU, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

E-mail do autor correspondente: bruninha-mb@hotmail.com

Entre as principais espécies cultivadas, a soja [*Glycine max* (L.) Merrill] é a oleaginosa com maior área cultivada no mundo e a principal cultura no país. Devido à sua importância na economia do Brasil, diversos estudos têm sido feitos no sentido de se obter novas cultivares por meio do melhoramento genético. Conforme a Lei nº 9456, para uma nova cultivar ser protegida é necessário comprovar que ela é distinta das demais já protegidas, homogênea em cada ciclo reprodutivo e estável quanto às suas características ao longo das sucessivas gerações, e para isso são utilizados descritores, entre eles, a intensidade do verde. Atualmente, esse descritor é avaliado visualmente, podendo gerar resultados inconsistentes, pois há subjetividade na análise. Objetivou-se nesse estudo, caracterizar genótipos de soja quanto à intensidade do verde utilizando um clorofilômetro capaz de quantificar as clorofilas *a* e *b*. O estudo foi realizado na Fazenda experimental da Universidade Federal de Uberlândia e avaliaram-se 30 genótipos em ensaio de valor de cultivo e uso (VCU), em delineamento de blocos casualizados. Cada parcela foi composta por quatro linhas de plantas de soja com espaçamento de 0,5 m. Para análise da intensidade do verde foram amostradas cinco plantas aleatórias em cada parcela e com clorofilômetro determinaram-se os teores de clorofila *a* e *b*. Observou-se existência de variabilidade genética nas cultivares de ciclo tardio, com nível de 1% de probabilidade de teste F para as duas variáveis, clorofilas *a* e *b*, sendo os valores do coeficiente de determinação genotípica de 52,47% e 58,83%, respectivamente. Pelo teste Scott-Knott foi possível separar ambas as variáveis em dois grupos, sendo que a maioria das cultivares constituíram um só grupo. Portanto, é possível estabelecer um parâmetro para a avaliação do descritor de intensidade verde em cultivares tardios de soja de acordo com os níveis de clorofila, a fim de tornar mais precisa a análise por meio da leitura em SPAD (soil plant analysis development), que são valores que refletem os teores relativos de clorofila, ao invés da interpretação pessoal.

Palavras-chave: *Glycine max*, Descritor, Distinguibilidade.

Fomento: FAPEMIG, CNPq, CAPES.

RESPOSTAS DE GENÓTIPOS DE SOJA CULTIVADOS EM DIFERENTES DOSES DE FÓSFORO NO SOLO

Gustavo Augusto de Ávila Silva¹; Ana Paula Oliveira Nogueira¹; Osvaldo Toshiyuki Hamawaki¹; Leonardo Campos Faria²; Jorge Henrique Gomes Santtana¹; Isabella de Castro Silveira¹; Luiza Amaral Medeiros¹; Luanna Almeida Oliveira¹

¹Programa de Melhoramento de Soja da UFU, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

²Fertilizantes Heringer, Uberaba, MG.

E-mail do autor correspondente: avilagustavoaugusto@hotmail.com

A soja em razão de seus diversos usos, na alimentação animal e humana e pelas altas produtividades alcançadas ocupa posições de destaque na economia brasileira. Sabe-se que o fenótipo está em função dos efeitos dos genótipos e as condições ambientais que estes são cultivados. Uma das principais limitações na produtividade é o baixo teor de fósforo (P) nos solos, principalmente nas regiões do cerrado. Com isso, tem-se aumentado a busca para aplicação de genótipos com potencial adaptativo às condições adversas de fertilidade do solo, por meio do melhoramento genético, ou seja, existem buscas intensivas por cultivares que apresentam melhores resposta a baixos níveis de P. O trabalho foi realizado em casa de vegetação do Programa de Melhoramento de Soja da Universidade Federal de Uberlândia. Adotou-se o esquema de fatorial 6x5, em que os fatores consistiram de seis cultivares de soja (BR-MG 46 – Conquista, UFUS Xavante, UFUS Guarani, UFUS Carajás, UFUS Impacta e UFUS 6901) e cinco doses de P₂O₅ que representaram (0,25, 50, 75 e 100%) da dose 300 mg dm⁻³. Utilizou-se o delineamento de blocos completos casualizados com cinco repetições, em que cada parcela consistiu de um vaso de 4 litros preenchidos com solo argiloso. Determinou-se a altura da planta no florescimento e o número de nós na haste principal no florescimento. Os dados foram analisados no Programa Genes. Para a altura da planta observaram-se efeitos significativos para interação cultivar e dose, evidenciando haver respostas distintas entre as cultivares em relação às doses. Para as cultivares BR-MG 46 – Conquista, UFUS Xavante, UFUS Guarani ajustou-se uma regressão quadrática, cujos coeficientes de determinação foram superiores a 70%. Para estas cultivares detectou-se que maiores alturas podem ser obtidas com doses entre 70 a 80% da dose utilizada como padrão. Esse resultado indicar haver variabilidade genética entre cultivares de soja responsiva às quantidades inferiores de fósforo.

Palavras-chave: *Glycine max*, Macronutriente, Melhoramento.

Fomento: FAPEMIG, CAPES, CNPq.

VARIABILIDADE DE CLOROFILA EM GENÓTIPOS DE SOJA

Carlos Sebastião Machado Júnior¹; Osvaldo Toshiyuki Hamawaki¹; Ana Paula Oliveira Nogueira¹; Makyslano Rezende da Rocha¹; Cristiane Divina Lemes Hamawaki²; Raphael Lemes Hamawaki³; Gabriel Lemes Jorge¹; Gabriel Silva Lemes¹

¹Programa de Melhoramento de Soja da UFU, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

²Instituto Master Presidente Antonio Carlos, Araguari, MG.

³Department of Plant, Soil & Agricultural Systems, Southern Illinois University Carbondale, IL, USA

E-mail do autor correspondente: casemaju@yahoo.com.br

A clorofila é uma molécula essencial à fotossíntese e sua quantidade é diretamente relacionada com a capacidade fotossintética da planta. Na cultura da soja (*Glycine max* (L.) Merrill) a análise do tom de verde é um descritor obrigatório em ensaios de distinguibilidade e estabilidade. Sabendo que o tom de verde é diretamente relacionado com a quantidade de clorofila nos trifólios, 21 linhagens e quatro cultivares de soja do programa de melhoramento de soja da UFU foram testadas para a variabilidade de clorofila *a*, clorofila *b* e clorofila total. Os genótipos foram semeados na Fazenda Experimental Capim Branco em Dezembro de 2015 em distribuição de blocos ao acaso com três repetições. As medidas de clorofila *a*, *b* e total foram feitas no mês de Janeiro de 2016 utilizando-se um medidor portátil eletrônico clorofiLOG, que fornece medições relativas do total de clorofila (0 a 100) mas que correlaciona-se com o teor de clorofila total. Os resultados foram analisados no programa GENES para a obtenção do coeficiente de variação genotípico e teste de média de Scott-Knott. Dos 25 genótipos avaliados, 11 puderam ser colocados em um grupo com 33,6 a 32,13 de clorofila *a*, 10,63 a 9,29 de clorofila *b* e 44,23 a 41,48 de clorofila total, em índice Falker. Os demais genótipos foram colocados em um grupo com valores de 31,64 a 29,4 para a clorofila *a*, 8,98 a 7,76 para clorofila *b* e 40,61 a 37,4 para a clorofila total, em índice Falker. O coeficiente de determinação genotípico ficou em 45% para a clorofila *a*, 72% para a clorofila *b* e 58,2% para a clorofila total. Conclui-se que a análise de clorofila como descritor do tom de verde pode ser usada como característica de distinguibilidade e estabilidade de genótipos.

Palavras-chave: *Glycine max*, Descritor, Proteção.

Fomento: FAPEMIG, CNPq, Capes.

INFLUÊNCIA DE *Magnaporthe grisea* (anamorfo *Pyricularia grisea*) NA QUALIDADE TECNOLÓGICA DO TRIGO (*Triticum aestivum* L.)

Janayne Luihan Silva¹; Dôuglas Caixeta Nunes¹; Bruna Juber de Araújo¹; Enyara Rezende Morais¹; Maurício Antônio de Oliveira Coelho²; Cristina Ribas Fürstenau¹

¹Instituto de Genética e Bioquímica (INGEB), Universidade Federal de Uberlândia, Campus Patos de Minas, Patos de Minas, Minas Gerais, Brasil.

²Empresa de Pesquisa e Agropecuária de Minas Gerais, Centro Tecnológico do Triângulo e Alto Paranaíba (CTTP)/Uberaba. Campo Experimental de Sertãozinho. Patos de Minas, Minas Gerais, Brasil.

E-mail do autor correspondente: cfurstenau@ingeb.ufu.br

O trigo (*Triticum aestivum* L.) é um grão de grande importância econômica e nutricional, ocupando o segundo lugar entre os alimentos mais consumidos no mundo. Existe uma grande deficiência na investigação científica em relação ao trigo e à influência das doenças que o afetam na qualidade industrial. A doença conhecida como brusone é causada pelo fungo *Magnaporthe grisea* (anamorfo *Pyricularia grisea*), comum em regiões de clima quente e úmido, a qual afeta a ráquis, impedindo a passagem de nutrientes e levando à formação de grãos chochos. Neste estudo, avaliamos a influência da doença brusone, em diferentes graus de contaminação nos grãos (0%, 5%, 10% e 15%), na qualidade tecnológica do trigo da cultivar BRS 264, em relação aos grãos e à farinha. Nos grãos, foram avaliados a umidade (U), o peso do hectolitro (PH) e a moagem experimental (ME). Na farinha, foram determinados os parâmetros de *falling number* (FN) e os fatores reológicos de farinografia e extensografia. Os resultados encontrados apontaram que a brusone influenciou estatisticamente as características físicas dos grãos, diminuindo a umidade e o peso do hectolitro. Para todas as características de farinha avaliadas, não houve diferença significativa entre as diferentes porcentagens de brusone nos grãos. Concluímos que a patologia causada pela brusone compromete fisicamente os grãos do trigo, porém, até 15% de contaminação, os mesmos podem ser utilizados para a produção de farinha.

Palavras-chave: Trigo, Brusone, Qualidade Tecnológica.

CARACTERIZAÇÃO E SELEÇÃO DE LINHAGENS DE SOJA TOLERANTES À FERRUGEM ASIÁTICA

Fernanda Gabriela Teixeira¹; Osvaldo Toshiyuki Hamawaki¹; Ana Paula Oliveira Nogueira¹; Makyslano Rezende da Rocha¹; Thúlio Pereira Mattos¹; Gabriel Lemes Jorge¹; Gabriel Silva Lemes¹; Raphael Lemes Hamawaki¹

¹Programa de Melhoramento de Soja da UFU, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

²Department of Plant, Soil & Agricultural Systems, Southern Illinois University Carbondale, IL, USA

E-mail do autor correspondente: fernanda.gab.teixeira@gmail.com

A soja está entre as principais culturas agrícolas no Brasil e o melhoramento genético tem contribuído para o aumento dos locais de adaptação no país e aumento da produtividade de grãos. Entretanto, a ferrugem asiática, causada pelo fungo *Phakopsora pachyrhizi*, é uma das doenças de maior impacto na cultura da soja ocasionando grandes perdas nas lavouras. Nesse sentido, o objetivo deste trabalho foi determinar a tolerância de linhagens de soja à ferrugem asiática pela avaliação da severidade da doença. O trabalho foi realizado na Fazenda Capim Branco, da Universidade Federal de Uberlândia - UFU, na safra 2015/2016. Avaliaram-se 25 genótipos de soja desenvolvidos pelo Programa de Melhoramento de Soja da UFU. Adotou-se o delineamento de blocos completos casualizados com três repetições. Cinco avaliadores determinaram a severidade da ferrugem asiática nas plantas em estágio de desenvolvimento R3/R4, de acordo com escala de Godoy, pela porcentagem da área foliar infectada com a doença, a partir de amostragem aleatória de três plantas por parcela. As médias de severidade de ferrugem asiática nas linhagens variaram de 13,11% a 60,22%. O coeficiente de determinação genotípico oscilou de 50,95% a 62,56%, indicando que estimativas superiores a 70% predominam as causas genéticas em relação à variabilidade fenotípica. Dentre os cinco avaliadores, apenas três avaliações apresentaram resultados de severidade estatisticamente diferentes entre os tratamentos. Conclui-se que todas as avaliações apresentaram alto coeficiente de determinação genotípico, mostrando alto efeito genético na resposta à doença. Desta forma, as linhagens de desempenho superior com menor severidade da ferrugem asiática podem ser selecionadas para avanço no programa de melhoramento e futuro lançamento de cultivares mais tolerantes a doença.

Palavras-chave: *Glycine max*, *Phakopsora pachyrhizi*, Tolerância.

Fomento: FAPEMIG, CAPES, CNPq.

ÁREA VII: NANOBIOTECNOLOGIA

DETECÇÃO ELETROQUÍMICA DIRETA DE UM OLIGONUCLEOTÍDEO ESPECÍFICO PARA *Alicyclobacillus acidoterrestris*: UMA BACTÉRIA CONTAMINANTE DE SUCO DE LARANJA

José M. R. Flauzino¹; Jussara V. Silva²; Ana G. Brito-Madurro¹; João M. Madurro²

¹Lab. de Biossensores, Univ. Fed. Uberlândia, Uberlândia-MG

²Lab. de Filmes Poliméricos e Nanotecnologia, Univ. Fed. Uberlândia, Uberlândia-MG

E-mail do autor correspondente: jmflauzino@yahoo.com.br

Alicyclobacillus acidoterrestris é uma bactéria associada à contaminação de sucos de laranja. Seus esporos resistem à pasteurização e, quando reativados, modificam as propriedades organolépticas do suco, impactando economicamente o Brasil (maior exportador mundial). Visando o desenvolvimento de um biossensor para o controle da qualidade do suco de laranja, este trabalho relata a detecção direta de uma sequência de DNA específica para *Alicyclobacillus acidoterrestris*. Eletrodos de grafite modificados com um nanocompósito de óxido de grafeno reduzido eletroquimicamente e poli(ácido 3-hidroxibenzóico) foram usados como eletrodo de trabalho, fio de platina como auxiliar e Ag/AgCl como referência. Oligonucleotídeos complementares e específicos para *Alicyclobacillus acidoterrestris*, ALIC1 e ALIC2, foram utilizados como sonda e alvo. A solução contendo a sonda foi gotejada sobre o eletrodo de trabalho, o qual foi incubado e tratado com albumina de soro bovino. Posteriormente a solução com o alvo foi gotejada sobre este eletrodo. Lavagens com tampão fosfato foram efetuadas após cada etapa. Os eletrodos com e sem alvo foram avaliados por voltametria de pulso diferencial, via monitoramento do pico de oxidação da guanina. Foi observada uma diminuição significativa nos valores de corrente do pico de oxidação e de carga elétrica, após incubação com o alvo, evidenciando a hibridização. Os resultados indicam a aplicabilidade deste novo biossensor para detecção de *Alicyclobacillus acidoterrestris*, visando o controle da qualidade do suco de laranja.

Palavras-chave: Biossensor, *Alicyclobacillus acidoterrestris*, Suco de laranja.

Fomento: FAPEMIG, CAPES, CNPQ.

ESTUDO DA AÇÃO BACTERICIDA DE NANOCRISTAIS DE ÓXIDO DE ZINCO DOPADO COM CONCENTRAÇÕES CRESCENTES DE PRATA

Brenda Daroz¹; Paula Scanavez Ferreira¹; Bruna França Matias-Colombo¹; Léa Duarte da Silva Moraes¹; Noelio Oliveira Dantas²; Luiz Ricardo Goulart¹; Anielle Christine Almeida Silva²

¹Laboratório de Nanobiotecnologia, Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG, Brasil.

²Laboratório de Novos Materiais Isolantes e Semicondutores, Universidade Federal de Uberlândia, MG, Brasil.

E-mail do autor correspondente: brenda_daroz@hotmail.com

A nanobiotecnologia é uma área promissora que utiliza uma ampla variedade de materiais em escala nanométrica. Recentemente, o estudo de novos materiais com características bactericidas vem despertando grande interesse na área médica para tratamento de bactérias resistentes aos antibióticos convencionais. Sabe-se que nanocristais de óxido de zinco (ZnO) e nanopartículas de prata (Ag) apresentam baixa toxicidade e características bactericidas, embora os mecanismos de ação sejam diferentes. Os nanocristais de ZnO apresentam ação antibacteriana devido a formação de espécies reativas de oxigênio na sua superfície [1]. Por outro lado, as nanopartículas de Ag liberam íons Ag^+ que interagem com os grupos tiol em proteínas bacterianas, afetando a replicação do seu DNA [2]. Assim, a fim de investigar o efeito bactericida da combinação desses nanocristais, sintetizamos e caracterizamos nanocristais de ZnO dopados com concentrações crescentes de Ag. Os nanocristais foram caracterizados pela técnica de Difração de Raios-X e o efeito bactericida foi investigado utilizando 2 cepas bacterianas, *Klebsiella pneumoniae* (gram negativa) e *Enterococcus faecalis* (gram positiva), utilizando-se a técnica de antibiograma. Os nanocristais foram diluídos em 3 solventes (água ultrapura, tampão PBS e etanol absoluto), que foram testadas puros como veículo para comprovar que não interferem na formação dos halos. Utilizou-se 3 concentrações dos nanocristais (500, 250 e 125 μ g/disco) em discos de filtro estéreis. Os resultados demonstraram que as 2 cepas bacterianas foram resistentes ao antibiótico comercial de amplo espectro gentamicina (≤ 12 mm) (controle positivo). Todos os nanocristais apresentaram considerável halo inibitório nas 2 cepas testadas, especialmente nas concentrações de 500 e 250 μ g/mL. Portanto, estes resultados demonstram que todas as nanopartículas de ZnO dopadas com Ag possuem promissora aplicação antibacteriana, sendo melhores conforme o aumento da dopagem de prata.

Palavras-chave: Nanocristais de óxido de prata, Nanocristais de óxido de zinco, Bactérias.

Fomento: CAPES, CNPq, FAPEMIG.

DETERMINAÇÃO SIMULTÂNEA DE ADENINA E GUANINA EM ELETRODO DE GRAFITE FUNCIONALIZADO COM POLI(4-AMINOFENOL)

Rafael da Silva¹; Jussara V. Silva¹; Ana G. Brito- Madurro²; João M. Madurro¹

¹Lab. Filmes Poliméricos e Nanotecnologia, Univ. Fed. Uberlândia, Uberlândia-MG

²Lab. Biossensores, Univ. Fed. Uberlândia, Uberlândia-MG

E-mail do autor correspondente: rafaelmaximo1408@gmail.com

Adenina e guanina são componentes encontrados no DNA e desempenham papel importante no armazenamento de informação genética, bem como em diagnósticos clínicos clássicos, tais como reação em cadeia da polimerase e eletroforese em gel de gradiente desnaturante, os quais são efetivos, mas, se comparados a diagnóstico utilizando métodos eletroquímicos, estes oferecem vantagens sobre os anteriores, tais como baixo custo, portabilidade e resposta rápida. Este trabalho relata o desenvolvimento de uma novo sensor eletroquímico baseado em eletrodo de grafite modificado com poli(4-aminofenol) sintetizado quimicamente, para determinação simultânea de adenina e guanina. A síntese química do poli(4-aminofenol) foi efetuada utilizando volumes iguais de solução de NaOH contendo 4-aminofenol e solução de HCl contendo o agente oxidante persulfato de amônio. O poli(4-aminofenol) foi caracterizado por FT-IR, indicando presença de C-O-C, C=N-C e C-NH-C no polímero. O polímero foi depositado sobre eletrodo de grafite e o eletrodo modificado foi caracterizado por voltametria cíclica, evidenciando a formação de material eletroativo e a modificação da superfície do eletrodo. A detecção simultânea das bases nitrogenadas foi efetuada por voltametria de pulso diferencial, utilizando eletrodo de grafite modificado com poli(4-aminofenol), mostrando dois picos de oxidação em +0,68 e +0,98 V (vs. Ag/AgCl). Estes resultados indicam que o eletrodo de grafite modificado com poli(4-aminofenol) sintetizado quimicamente é adequado para determinação simultânea das bases nitrogenadas, sendo promissor para aplicações em análises eletroquímicas.

Palavras-chave: Poli(4-aminofenol), Adenina, Guanina.

Fomento: FAPEMIG, CNPQ.

DETECÇÃO ELETROQUÍMICA DE GENE ESPECÍFICO PARA O VÍRUS DA HEPATITE B

Kênia Cristina Silva Alves¹; Ana Cristina Honorato de Castro¹; Marcia Maria Costa Nunes Soares²; João Marcos Madurro³; Ana Graci Brito Madurro¹

¹Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

²Instituto Adolf Lutz, São José do Rio Preto, SP

³Instituto de Química, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG

E-mail do autor correspondente: kenia_ca@yahoo.com.br

A Hepatite B tornou-se um problema de saúde pública mundial, com grande impacto econômico e social, visto que, possui elevada capacidade de infecção, é uma doença grave, silenciosa, de difícil diagnóstico, que pode evoluir para doenças mais graves e fatais, causa irritação e inflamação do fígado. A detecção do vírus da hepatite B (HBV) é feita por técnicas caras e demoradas, por isso se faz necessário o desenvolvimento de novas tecnologias capazes de melhorar as formas de diagnóstico fazendo com que elas sejam mais rápidas, baratas, simples e de fácil acesso. Visando viabilizar o diagnóstico da hepatite, desenvolveu-se um sistema eletroquímico que permite a detecção do HBV usando eletrodos de grafite funcionalizados com o poli(4-aminofenol). Após a sensibilização da superfície com poli(4-aminofenol), foi realizada a imobilização da sonda Hep1 sobre o eletrodo. A detecção do alvo específico (HepB2) foi realizado por meio direto e indireto. Brometo de etídeo (BE) foi utilizado como indicador da dupla fita do DNA usando técnicas voltamétricas. A modificação da superfície com poli(4-aminofenol)/HepB1 foi confirmada por voltametria. Na detecção direta, houve uma redução da amplitude de sinal de corrente dos picos de oxidação dos resíduos de bases nitrogenadas da dupla fita do DNA (HepB1:HepB2), indicando o reconhecimento do alvo específico. No processo indireto, foi observado um aumento significativo no sinal de corrente gerado pela oxidação do BE, após o processo de hibridização com o DNA genômico, indicando sucesso no desempenho do sensor. Os experimentos realizados mostram que é possível desenvolver um genossensor específico para o HBV, podendo ser utilizado para o diagnóstico da hepatite.

Palavras-chave: Hepatite B, Eletroquímica, Poli(4-aminofenol), DNA genômico.

Fomento: UFU, CNPq, CAPES, FAPEMIG.

CONSTRUÇÃO DE BIOELETRODO PARA A DETECÇÃO DE MARCADOR DE PROCESSOS INFLAMATÓRIOS E DOENÇAS CARDIOVASCULARES

Sandro Henrique Dias Ribeiro¹; Marcos Paulo de Oliveira²; Lívia Maria Alves ²; João Marcos Madurro³; Ana Graci Brito Madurro²

¹Instituto de Biologia. Universidade Federal de Uberlândia, Minas Gerais, Brasil.

²Instituto de Genética e Bioquímica. Universidade Federal de Uberlândia, Minas Gerais, Brasil.

³Instituto de Química. Universidade Federal de Uberlândia, Minas Gerais, Brasil.

E-mail do autor correspondente: sandrohenrique@hotmail.com

Estudos epidemiológicos demonstraram uma associação entre o risco de eventos cardiovasculares e concentrações crescentes da proteína C reativa, levando-a a categoria de marcador de estratificação de risco cardíaco. A proteína C reativa (CRP) é uma proteína de fase aguda, da família da pentraxinas, expressa por hepatócitos em resposta a inflamação sistêmica, em infecções bacterianas e outras situações clínicas que constituem processos inflamatórios. Atualmente o diagnóstico da proteína C reativa é demorado e pode acarretar em prejuízos para o paciente. Surge, então, a necessidade de desenvolver novas *técnicas de diagnósticos*. Os bioeletrodos são uma alternativa para diagnóstico, visto que são rápidos, seletivos, sensíveis e podem ser aplicados a amostras reais. Eletrodos modificados com polímeros são potenciais candidatos para bioeletrodos, devido a sua estabilidade e rápida transferência de elétrons, sendo excelentes materiais para imobilização de biomoléculas. Neste trabalho foi avaliado a imobilização do anticorpo anti-CRP sobre eletrodo de grafite modificado com polímero derivado de 3-hidroxifenilacético. Os filmes poliméricos foram eletrodepositados sobre eletrodos de grafite em solução aquosa de ácido perclórico a 0,5 mol L⁻¹, 10 ciclos de potencial, usando platina e Ag/AgCl como eletrodos auxiliar e referência, respectivamente. A seguir, a superfície foi sensibilizada com o anticorpo anti-CRP (10 µg/mL) e avaliada usando o par redox ([Fe(CN)₆]⁴⁻ / [Fe(CN)₆]³⁻). Os resultados indicaram a imobilização do anticorpo anti-CRP, específico para PCR. O bioeletrodo desenvolvido é uma matriz promissora para diagnóstico de doenças inflamatórias e cardiovasculares.

Palavras-chave: Bioeletrodo, Diagnóstico, Proteína C-reativa.

Fomento: FAPEMIG, CNPQ.

AVALIAÇÃO CITOTÓXICA E MUTAGÊNICA DE NANOPARTÍCULAS DE DIÓXIDO DE TITÂNIO (TiO₂) EM CÉLULAS SOMÁTICAS DE *Drosophila melanogaster*

Maria Paula Carvalho Naves¹; Alexandre Azenha Alves de Rezende²; Mário Antônio Spanó¹

¹Laboratório de Mutagênese, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

²Laboratório de Bioquímica e Genética, Universidade Federal de Uberlândia, Ituiutaba, MG.

E-mail do autor correspondente: mpcnaves@hotmail.com

O interesse do mercado consumidor pela nanotecnologia está aumentando exponencialmente e, por esse motivo, tem causado preocupações em relação à saúde pública. As nanopartículas de dióxido de titânio (NPs TiO₂) têm sido utilizadas principalmente em cosméticos, alimentos e embalagens. O contato com essas nanopartículas, seja via oral ou dérmica, pode causar danos às organelas celulares e até ao DNA, no núcleo. Com o objetivo de avaliar o potencial mutagênico e recombinogênico de NPs TiO₂ de 11nm, utilizou-se o Somatic Mutation and Recombination Test (SMART) em *Drosophila melanogaster*. Para o cruzamento padrão (ST), foram utilizados machos multiple wing hairs (mwh/mwh) e fêmeas virgens flare3 (flr3 /TM3, BdS). Para o cruzamento de alta bioativação metabólica (HB), foram utilizados machos mwh (mwh/mwh) e fêmeas virgens ORR/flr3 (ORR/ORR; flr3 /TM3, BdS). Larvas de terceiro estágio (72 + 4h), obtidas de ambos os cruzamentos, foram tratadas com diferentes concentrações de NPs TiO₂ (6,25; 12,5; 25; 50 ou 100 mM). Água ultrapura e uretano (10 mM) foram utilizados como controles negativo e positivo, respectivamente. Para todas as concentrações utilizadas não houve alteração na taxa de sobrevivência dos indivíduos. Os descendentes trans-heterozigotos (MH) do cruzamento ST, em todas as concentrações de NPs TiO₂, apresentaram aumento significativo nas frequências de manchas mutantes. No cruzamento HB, a concentração de 50mM apresentou resultado negativo para mutagenicidade. As demais concentrações foram mutagênicas. De acordo com as condições experimentais utilizadas, concluiu-se que as NPs TiO₂ não são citotóxicas; não há relação entre as concentrações utilizadas e as respostas obtidas quanto à mutagenicidade. Os resultados obtidos em ambos os cruzamentos foram semelhantes, demonstrando não haver interferência das enzimas do complexo enzimático citocromo P450 na indução de manchas mutantes.

Palavras-chave: Nanocristais, Somatic Mutation and Recombination test - SMART, Nanotecnologia.

SCAFFOLD DE NANOFIBRA DE PLA E SINVASTATINA ASSOCIADO A LASERTERAPIA - ANÁLISE DO COMPORTAMENTO DE OSTEÓBLASTOS *IN VITRO* APÓS RADIAÇÃO IONIZANTE

Juliana Simeão Borges,^{1,2}; Lorraine Braga Ferreira^{1,2}; Carlos José Soares¹; Eliton Medeiros³; Vivian Alonso Goulart²; Luiz Ricardo Goulart²; Letícia de Souza Castro Filice²

¹Centro de Pesquisa de Biomecânica, Biomateriais e Biologia Celular- CPBio, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

²Laboratório de Nanobiotecnologia, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

³Centro de Tecnologia Departamento de Engenharia de Materiais, Universidade Federal da Paraíba, João Pessoa, Pb

E-mail do autor correspondente: julianasimeaborges@hotmail.com

A regeneração óssea desafia a performance da engenharia tecidual bem como as propriedades osteoindutoras e/ou osteocondutoras da associação dos diferentes scaffolds com células ou fatores de crescimento. A laserterapia tem sido eficaz no reparo ósseo, crescimento, proliferação e diferenciação celular, assim como a aplicação de materiais nanoestruturados tem se destacado no campo da engenharia de tecidos. Scaffolds à base de polímeros oferecem afinidade com proteínas, indução da diferenciação osteogênica e mineralização, além da capacidade de carrear drogas. Resultados favoráveis demonstram a importância da utilização de scaffolds que permitam o controle do tempo de degradação, para que a deposição do tecido ósseo neoformado coincida com a eliminação do biomaterial do organismo, característica essa encontrada em scaffolds poliméricos à base de poli(ácido láctico) (PLA), sendo ainda mais efetivo quando associado a fatores de crescimento e de medicamentos como a sinvastatina. Esta droga tem sido amplamente estudada por possuir funções pleiotrópicas indutoras no tecido ósseo, promovendo a diferenciação osteogênica e viabilidade dos osteoblastos, quando aplicada localmente. Este trabalho teve por objetivo avaliar *in vitro* a viabilidade, proliferação e diferenciação de osteoblastos da linhagem MC3T3 em scaffolds de nanofibras de PLA associados ou não a sinvastatina e tratados com laserterapia de baixa intensidade com doses de 1,0 J/cm², 10 segundos a cada sessão. Os resultados demonstraram que nos grupos com scaffold de nanofibras associados à sinvastatina e irradiado com laser foi observado aumento significativo na proliferação e diferenciação dos osteoblastos, aumento na dosagem de fosfatase alcalina, proteína total, e mineralização da matriz óssea quando avaliados em 7, 14 e 21 dias. O estudo confirma que o processo de formação do tecido ósseo pode ser potencializado pela utilização dos scaffolds de nanofibras associados à sinvastatina e irradiação por laser *in vitro*.

Palavras-chave: Nanofibras, Reparo ósseo, Laserterapia.

Fomento: FAPEMIG.

PROLIFERAÇÃO E VIABILIDADE DE CÉLULAS-TRONCO ESENQUIMAIS DE TECIDO ADIPOSEO HUMANO COM NANOPARTÍCULAS DE DIÓXIDO DE TITÂNIO

Yasmim Twanne de Cássia Silva¹; Isabela Lemos de Lima¹; Cristiane Angélico Duarte¹; Renata Alves Balvedi¹; Anielle Christine Almeida Silva²; Luiz Ricardo Goulart¹; Vivian Alonso Goulart¹

¹Laboratório de Nanobiotecnologia, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia-MG.

²Laboratório de Física, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia-MG.

E-mail do autor correspondente: yasmim_710@hotmail.com

As células-tronco mesenquimais são células indiferenciadas, que se autorrenovam e se diferenciam em diversos tipos celulares como adipócitos, condrócitos e osteócitos. As células-tronco mesenquimais de tecido adiposo (CTM-TAs) tem bom rendimento e são de fácil acesso, o que as tornam viáveis para a engenharia de tecidos e medicina regenerativa. O uso de nanomateriais também tem apresentado bons resultados para estas aplicações, permitindo um melhor crescimento e reparação de tecidos do corpo humano. A utilização de nanopartículas de dióxido de titânio (TiO₂) em conjunto com células-tronco apresentam um grande avanço na terapia celular, possibilitando procedimentos mais eficientes e rápidos. Este trabalho teve como objetivo analisar a capacidade de viabilidade e proliferação celular das CTM-TAs quando submetidas a quatro concentrações e temperaturas de síntese distintas de nanopartículas de TiO₂. As CTM-TAs foram isoladas de material lipoaspirado (CEP n. 336.126) e caracterizadas por citometria de fluxo. Realizou-se um ensaio de MTT para análise de viabilidade celular das CTM-TAs frente às concentrações 5, 50, 100 e 250µg de nanopartículas de TiO₂, sintetizadas nas temperaturas de 100, 500, 650 e 800°C. Para avaliar a proliferação celular foi feito o ensaio de Unidade Formadora de Colônia (UFC) onde as CTM-TAs também foram submetidas às mesmas concentrações e temperaturas de síntese das nanopartículas de TiO₂ que o teste anterior. A viabilidade das CTM-TAs não apresentou alteração nas concentrações de 5, 50 e 100µg de TiO₂ quando comparadas ao controle negativo, mas utilizando 250µg de TiO₂ houve uma redução estatisticamente significativa, independente da temperatura de síntese. Já com relação à proliferação, as nanopartículas de TiO₂ na concentração de 5µg nas temperaturas de síntese de 100, 500 e 650°C e a concentração de 50µg na temperatura de síntese de 800°C se demonstraram viáveis sem provocar interferência no desenvolvimento das CTM-TAs. Portanto é possível concluir que as nanopartículas de TiO₂ em conjunto com as CTM-TAs nas concentrações de 5 e 50µg em qualquer temperatura de síntese (100, 500, 650 e 800°C) não alteram, estatisticamente, a viabilidade e proliferação das CTM-TAs.

Palavras-chave: Célula-tronco, Tecido Adiposo, Dióxido de Titânio.

Fomento: FAPEMIG, CAPES.