

ANAIIS DO EVENTO



**XXVII SEMANA DE
BIOMEDICINA:**
INOVAÇÃO E CIÊNCIA

ISBN: 978-65-88884-11-9





ORGANIZAÇÃO

COMISSÕES

Comissão Organizadora

Ana Carolina Ribeiro Saraiva
Caio Victor Barros Gonçalves da Silva
Celina Cavalcante Muniz Gomes
Evellyn Belo de Souza
Gabriela Rodrigues de Aguiar
Gabriel Aragão de Souza Nogueira
Gutenbergmann Batista Coutinho
Mariana Silva Lucena
Nathaly Bruna de Oliveira
Vitor Nóbrega Barbosa Ferreira
Patriky Pereira da Silva
Santiago Souza Valdes

Comissão de Administração

Ana Carolina Ribeiro Saraiva
Celina Cavalcante Muniz Gomes
Evellyn Belo de Souza
Gutenbergmann Batista Coutinho
Vitor Nóbrega Barbosa Ferreira

Comissão de Comunicação

Gabriel Aragão de Souza Nogueira
Mariana Silva Lucena
Nathaly Bruna de Oliveira

Comissão Financeira

Patriky Pereira da Silva

Comissão de Transmissão do Evento

Caio Victor Barros Gonçalves da Silva

Comissão Científica

Celina Cavalcante Muniz Gomes
Gabriela Rodrigues de Aguiar
Gabriel Aragão de Souza Nogueira
Gutenbergmann Batista Coutinho
Mariana Silva Lucena
Santiago Souza Valdes



APRESENTAÇÃO

A XXVII Semana de Biomedicina foi um evento científico promovido pelo Diretório Acadêmico de Biomedicina, que ocorreu entre os dias 13 e 17 de setembro de 2021, de forma totalmente remota devido a pandemia da Covid-19. Buscou atingir principalmente estudantes de Biomedicina e de outras áreas da Saúde, e neste ano completou 27 anos de tradição, oferecendo novos conhecimentos práticos e teóricos, assim como a chance de ampliar contatos entre biomédicos e futuros atuantes da profissão, através de palestras, minicursos, mesas-redondas e abertura de submissão de trabalhos científicos, com os seguintes eixos temáticos “Eixo temático I: Anatomia, Genética, Fisiologia e Bioquímica”; “Eixo temático II: Biofísica, Bioinformática, Bioestatística, Hematologia e Radiobiologia”; “Eixo temático III: Patologia, Imunologia/Sorologia, Imunopatologia e Citopatologia”; “Eixo temático IV: Microbiologia, Parasitologia, Micologia e Virologia” e “Eixo temático V: Saúde Coletiva”.

Programação do Evento

Dia 13 de setembro de 2021

Minicurso “**Bases e aplicações da Bioinformática**” ministrado por Flávia Figueira Aburjaile

Minicurso “**Extração de DNA e técnica de PCR**” ministrado por Lilian Rodrigues Alves

Minicurso “**O trabalho da Perícia Criminal em local de crime**” ministrado por Felipe Frago Marinho de Lima

Minicurso “**Toxina botulínica e Ácido hialurônico- Diferenças e aplicações**” ministrado por Raissa Brown Ferreira Monteiro

Dia 14 de setembro de 2021

Palestra “**Atuação do biomédico na perícia criminal**” por Felipe Frago Marinho de Lima

Palestra “**Obesidade e Covid-19**” por Marília Kalinne Torres

Mesa-redonda “**A pesquisa dentro da Universidade Pública: uma linha de frente invisível no combate a pandemia da Covid-19**” composta por Carolina Ribeiro Córdula e Kleodoaldo Oliveira de Lima

Palestra “**Perspectivas do diagnóstico clínico da Covid-19 por modelagem matemática**” por Raphael Rangel

Dia 15 de setembro de 2021

Palestra “**O papel do biomédico nas agências transfusionais**” por Gisely Juliane Barbosa de Albertim

Palestra “**A atuação do biomédico na pesquisa e desenvolvimento de novos fármacos**” por Jeann Fabiann Branco Júnior

Palestra “**Isolamento de metabólitos bioativos de líquens e suas atividades biológicas**” por Hianna Arely

Palestra “**Desmistificando a atuação biomédica na bromatologia**” por Geyziane Maiara

Palestra “**A luta e o pioneirismo da biomedicina estética**” por Ana Carolina Puga



Dia 16 de setembro de 2021

Palestra “**A compreensão da imunologia no diagnóstico em um contexto pandêmico: Covid-19**” por Pablo Ramon Gualberto Cardoso

Palestra “**A citologia clínica como especialidade biomédica: formação, atuação e perspectivas**” por Jacinto da Costa Silva Neto

Palestra “**A saúde da mulher em relação a citopatologia**” por Adrya Lúcia Peres

Palestra “**Permeação cutânea in vitro**” por Jeymesson Raphael Cardoso Vieira

Mesa redonda “A importância e os desafios da Divulgação Científica na Biomedicina”

por Pablo Ramon Gualberto Cardoso, por Luiz Hendrix e pela página científica

“Scientizando” sendo representada por Carlos Augusto Brandão e Ramona Widmer

Dia 17 de setembro de 2021

Palestra “**ITCBIO- Instituto Tecnológico das Cadeias Sustentáveis e a inovação na ciência**” por Cláudia Sampaio de Andrade Lima

Palestra “**A perspectiva da Terapia Fotodinâmica (PDT)**” por Beatriz Santana Rocha

Palestra “**Compreensão e perspectivas para a vacina contra o Sars-CoV-2 desenvolvida pela UFPE**” por Antônio Carlos de Freitas



XXVII Semana de Biomedicina "Inovação e Ciência"



A INVESTIGAÇÃO DE POTENCIAIS BIOMARCADORES PARA TDM: UMA REVISÃO DE LITERATURA

Celina Cavalcante Muniz Gomes¹, Maria Julia Alves de Melo², Mariana Silva Lucena³,
Caio Victor Barros Gonçalves da Silva⁴

¹Graduanda em Biomedicina na Universidade Federal de Pernambuco¹
(celina.gomes@ufpe.br)

²Graduanda em Farmácia na Universidade Federal de Pernambuco²
(julia.alvesm@ufpe.br)

³Graduanda em Biomedicina na Universidade Federal de Pernambuco³
(mariana.slucena@ufpe.br)

⁴Graduando em Biomedicina na Universidade Federal de Pernambuco⁴
(caio.victors@ufpe.br)

Introdução: Transtorno Depressivo Maior (TDM) é uma desordem mental multifatorial, podendo ser causada por agentes de natureza psicossocial, genética e biológica, onde o indivíduo perde a capacidade de resistir a eventos estressores.

Uma pesquisa mostrou correlação positiva entre baixos níveis totais séricos de colesterol, tiroxina livre e triglicerídeos, em pacientes com TDM e que realizaram tentativa de suicídio³. Assim, é de extrema relevância a investigação dos mecanismos biológicos e genéticos da TDM, contribuindo para o mapeamento de potenciais biomarcadores de diagnóstico e melhor entendimento de sua fisiopatologia. **Objetivos:**

Citar e caracterizar possíveis biomarcadores com potencial diagnóstico para casos de transtorno depressivo maior. **Métodos:** Foi realizada uma revisão narrativa no Pubmed, e na Biblioteca Virtual em Saúde. Foram incluídos estudos randomizados controlados dos últimos 5 anos, no idioma inglês, e excluídos artigos que não respondessem ao objetivo desta revisão. **Resultados:** O fator de crescimento semelhante à insulina-1 (IGF-1) é uma neurotrofina apresentada em concentrações mais altas na circulação de pacientes com TDM em comparação a pessoas saudáveis.

Estudos da Academia Médica de Educação de Pós-Graduação Zaporizhzhia apontam que os níveis séricos altos de IGF-1 se relacionam com o desenvolvimento de sintomas expressivos de TDM como hipotímia, ansiedade e distúrbios cognitivos, assim como o uso do antidepressivo vortioxetina diminui a concentração sérica de IGF-1². Além disso, outro estudo clínico indicou que a concentração sérica de zinco de pacientes com TDM foi menor do que a de pacientes saudáveis⁴. Porém, não houve uma diferença significativa entre os pacientes em remissão e saudáveis, ou entre pessoas com TDM e os em remissão⁴.

Uma pesquisa identificou cinco metabólitos séricos relacionados à inflamação correlacionados com gêneros pertencentes ao filo Firmicutes: LysoPC, ácido desoxicólico, ácido docosaheptaenóico e ácido taurocólico ¹. **Conclusões:** Esses resultados confirmam que há uma relação entre o TDM e os baixos níveis de zinco, indicando a possibilidade deste íon funcionar como biomarcador para TDM, sendo necessários mais estudos com um grupo maior de pacientes para expandir os dados. Além disso, existem metabólitos séricos que funcionam como potenciais biomarcadores, sendo necessária mais investigações sobre as consequências da perturbação filo Firmicutes na regulação da resposta inflamatória do hospedeiro durante o início da depressão.

Palavras-chave: Major depressive disorder; Biomarkers; Inflammation

Referências:

1. BAI, S; et al. **Gut Microbiota-Derived Inflammation-Related Serum Metabolites as Potential Biomarkers for Major Depressive Disorder.** J Inflamm Res, n. 14, p. 3755-3766, 2021.
2. LEVADA, O. A; et al. **Serum insulin-like growth factor-1 as a potential marker for MDD diagnosis, its clinical characteristics, and treatment efficacy validation: data from an open-label vortioxetine study.** BMC Psychiatry, n. 20, p. 208, 2020.
3. PENG, R; et al. **Low serum free thyroxine level is correlated with lipid profile in depressive patients with suicide attempt.** Psychiatry Research, n. 266, p. 111–115, 2018.
4. STYCZEN, K; et al. **The serum zinc concentration as a potential biological marker in patients with major depressive disorder.** Metab Brain Dis, n. 32, p. 97–103, 2017.





XXVII Semana de Biomedicina "Inovação e Ciência"



A METILAÇÃO DO DNA COMO BIOMARCADOR NO PROGNÓSTICO E DIAGNÓSTICO DO CÂNCER OVARIANO: REVISÃO DE LITERATURA

Manuella Amlid Pimenta de Castro Cavalcanti Silva¹; Caio Victor Barros Gonçalves da Silva²; Dryelli Frances Santana da Silva³; Laura Lucena Serafim⁴; Ryan Cristian da Silva⁵; Celina Cavalcante Muniz Gomes⁶

¹Universidade Federal de Pernambuco¹ – (manuella.pimenta@ufpe.br)

²Universidade Federal de Pernambuco² – (caio.victors@ufpe.br)

³Universidade Federal de Pernambuco³ – (dryelli.silva@ufpe.br)

⁴Universidade Federal de Pernambuco⁴ – (laura.serafim@ufpe.br)

⁵Universidade Federal de Pernambuco⁵ – (ryan.cristian@ufpe.br)

⁶Universidade Federal de Pernambuco⁶ – (celina.gomes@ufpe.br)

Introdução: O câncer ovariano é caracterizado pelo crescimento anormal de células provenientes dos ovários. Mutações no gene BRCA podem aumentar, entre 20 a 50%, o risco do paciente desenvolver câncer ovariano ⁽¹⁾. Assim, o gene BRCA1 é expresso como autossômico dominante, com penetrância incompleta e atua como supressor de tumor, sendo importante para a reparação do DNA, pois atua na manutenção da estabilidade do genoma e no controle do ciclo celular no checkpoint ⁽³⁾. Desse modo, a metilação do DNA ocorre na região promotora do gene, local dos sítios CpG – sendo denominados assim pois um grupo metil é adicionado a uma citosina seguida de uma guanina – e grupos metil são adicionados ao nucleotídeo citosina ⁽¹⁾. Portanto, a metilação do DNA é essencial na regulação da expressão gênica ⁽³⁾. No câncer ovariano, anomalias nesta metilação são comuns, sendo potenciais biomarcadores na detecção desta doença. **Objetivos:** Realizar uma revisão narrativa sobre a metilação do DNA, que ocorre nos sítios CpG do gene BRCA1, ser um importante biomarcador no prognóstico e diagnóstico do câncer ovariano. **Métodos:** Para esta revisão narrativa, foi realizado buscas através do Pubmed e Google Scholar, através dos descritores: “ovarian cancer”, “BRCA1”, “DNA methylation” e “biomarker”. Como critérios para a pesquisa, foram selecionados artigos de língua inglesa e publicados entre os anos de 2016 e 2021. **Resultados:** A análise da metilação do DNA permite a identificação de alterações na região promotora do gene, nos sítios CpG que podem estar hipermetilados – quando há o silenciamento do gene BRCA1 – ou hipometilados – quando não há o silenciamento do gene BRCA1 ⁽²⁾. Devido ao envolvimento da metilação do DNA com o câncer ovariano, a metilação nos sítios CpG no gene BRCA1 apresenta um alto potencial como biomarcador. Portanto, analisar anomalias na metilação do DNA, nos sítios CpG, significa que não seria necessário codificar todo o gene para identificar se há uma mutação no gene BRCA1. Um dos métodos mais conhecidos e mais utilizados é o método que envolve o bissulfito na conversão de citosina em uracila. Citosinas metiladas não serão convertidas e inúmeros métodos podem ser utilizados na identificação de CpGs que não foram convertidas ⁽¹⁾. **Conclusão:** Alterações na metilação do DNA, nos sítios CpG do gene BRCA1, apresentam um alto potencial como biomarcadores, mesmo sendo algo novo na área. Portanto, mais estudos são necessários para aperfeiçoar o entendimento deste biomarcador como prognóstico e diagnóstico do câncer ovariano.

Palavras-chave: BRCA1; Câncer ovariano; Metilação do DNA; Biomarcadores.

Referências:

- 1- HENTZE J. L., et al. **Methylation and ovarian cancer: Can DNA methylation be of diagnostic use?** Molecular and Clinical Oncology, v. 10, n. 3, p. 323-330, 2019.
- 2- ROIG B., et al. **Metabolomics reveals novel blood plasma biomarkers associated to the BRCA1-mutated phenotype of human breast cancer.** Scientific Reports, v. 7, n. 1, 2017.
- 3- YADAV G., et al. **Molecular Biomarkers for Early Detection and Prevention of Ovarian Cancer-A Gateway for Good Prognosis: A Narrative Review.** International Journal of Preventive Medicine, v. 11, n. 135, 2020





XXVII Semana de Biomedicina "Inovação e Ciência"



A UTILIZAÇÃO DO MICRORNA COMO FERRAMENTA MOLECULAR NO DIAGNÓSTICO DO ALZHEIMER

Gabriela Teixeira Calmon¹, Gabriel Aragão de Souza Nogueira², Kamyille Cynnara Tavares da Silva³, Marina Macedo Gomes⁴, Paula Sandrin Garcia⁵

¹Graduanda em Biomedicina na Universidade Federal de Pernambuco¹
(gabriela.calmon@ufpe.br)

²Graduando em Biomedicina na Universidade Federal de Pernambuco²
(gabriel.aragao@ufpe.br)

³Graduanda em Biomedicina na Universidade Federal de Pernambuco³
(kamyille.cynnara@ufpe.br)

⁴Graduanda em Biomedicina na Universidade Federal de Pernambuco⁴
(marina.macedog@ufpe.br)

⁵Doutora em Genética pela Universidade de São Paulo⁵
(paulasandrin@ufpe.br)

Introdução: Os microRNAs (miRNAs) constituem um grupo de pequenas moléculas de RNA não-codificantes, responsáveis pela regulação da expressão gênica no processo pós-transcricional.¹ Os níveis fisiológicos desses oligonucleotídeos (20-22-mer) são importantes para a homeostase corpórea e, conseqüentemente, a sua desregulação pode levar ao aparecimento de patologias, dentre elas, a Doença de Alzheimer(DA).¹Os avanços tecnológicos no campo da epigenética são essenciais para implementar estratégias de diagnósticos cada vez mais eficientes e menos invasivas. Atualmente ainda não existem biomarcadores de prognóstico eficazes para o Alzheimer.³ Logo, é essencial estudar os potenciais biomarcadores para a identificação desta doença.**Objetivos:** Este resumo objetiva reunir informações para abordar a utilização de miRNAs como biomarcadores no diagnóstico da DA.**Métodos:** Para a construção desta revisão, artigos publicados entre 2009 e 2021 foram selecionados por meio de pesquisas na base de dados do Pubmed a partir das palavras-chave "Alzheimer; Identifying; microRNA; biomarkers". **Resultados:** A ação reguladora dos miRNAs sobre a expressão genética possibilita controlar vários processos celulares como desenvolvimento, diferenciação e sinalização². Através disso, é possível inibir determinados genes, permitindo que esses miRNAs atuem na regulação de várias patologias.² Em relação ao Alzheimer, os miRNAs podem regular genes que participam da formação e desenvolvimento de β -amilóide (A β) placas, emaranhados neurofibrilares, perda sináptica e morte neuronal.³ Portanto, avaliando os níveis de miRNAs e a expressão dos seus genes alvos pode-se identificar os principais genes que se apresentam desregulados nos indivíduos portadores da doença, utilizando-os assim como biomarcadores de diagnóstico e prognóstico.³ Uma boa estratégia é rastrear biomarcadores no sangue periférico, pois a coleta de sangue é menos invasiva que a punção lombar realizada rotineiramente⁴; esta técnica é potencialmente mais aplicável à triagem e monitoramento regular da progressão da doença. Estudos encontraram diferenças em proteínas específicas e concentrações de miRNA entre o controle normal e o sangue de paciente com DA, destacando seu potencial como um procedimento diagnóstico.⁴

Ainda existem limitações na comparabilidade devido às diferenças no estágio da DA entre pacientes, como, por exemplo, o *miR-107* - um *miRNA* que é mal expresso independentemente do estágio devido a alterações no córtex de pacientes.⁵

Conclusão: Portanto, infere-se que os *miRNAs* possuem extrema importância para a medicina de precisão, sendo reguladores da expressão gênica e uma possível ferramenta epigenética para o diagnóstico de pacientes com Alzheimer.

Palavras-chave: microRNA; epigenética; ferramenta; Alzheimer.

Referências:

- 1- JORGE, A. L. et al. MicroRNAs: understanding their role in gene expression and cancer. Einstein (São Paulo, Brazil), v. 19, p. eRB5996, 2021.
- 2- MA, N. et al. Identifying lncRNA-miRNA-mRNA networks to investigate Alzheimer's disease pathogenesis and therapy strategy. Aging, v. 12, n. 3, p. 2897–2920, 2020.
- 3- Carthew RW, Sontheimer EJ. Origins and Mechanisms of microRNAs and siRNAs. Cell. 2009;136(4):642-55
- 4- SWARBRICK, S. et al. Systematic review of miRNA as biomarkers in Alzheimer's disease. Molecular neurobiology, v. 56, n. 9, p. 6156–6167, 2019.
- 5- CONDRAT, C. E. et al. MiRNAs as biomarkers in disease: Latest findings regarding their role in diagnosis and prognosis. Cells (Basel, Switzerland), v. 9, n. 2, p. 276, 2020.





XXVII Semana de Biomedicina

"Inovação e Ciência"



CONTRIBUIÇÃO DO SISTEMA CRISPR CAS-9 NOS AVANÇOS DA ONCOLOGIA

José Matheus Lima Paiva da Paz ¹; Juliana Prado Gonçalves ²

¹Graduando no curso de Biomedicina pelo Centro Universitário Maurício de Nassau¹
(matheuspaiva251@hotmail.com)

²Docente do Centro Universitário Maurício de Nassau²
(julianagoncales1@gmail.com)

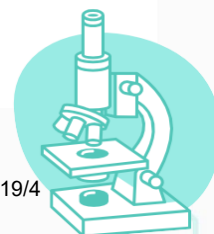
Introdução: O câncer é uma das doenças que apresentam maior morbimortalidade, responsável por 9.6 milhões de mortes e 18 milhões de novos casos em 2018, estando entre as quatro principais causas de mortes prematuras (antes dos 70 anos de idade), um em cada cinco mortes no mundo é relacionada a doença. A incidência e a mortalidade têm aumentado e seus principais motivos são o envelhecimento populacional e prevalência dos fatores de risco (predisposição genética, consumo de álcool, tabaco, dieta, sedentarismo e como também o papiloma vírus humano (HPV)).^(1, 2) De maneira geral, os tumores são resultados de mutações em certos pontos do genoma, principalmente naqueles que estão diretamente relacionados ao mecanismo de reparo do DNA e apoptose celular que ocasiona multiplicação anormal de algum tipo de célula, podendo ocorrer migração para outras partes do corpo, se desenvolvendo fora do local de origem (metástase).⁽³⁾ **Objetivos:** descrever a contribuição do sistema Crispr Cas-9 nos avanços da oncologia. **Métodos:** Trata-se de um estudo de literatura que consultou a base de dados *Us National Library of Medicine National Institutes of Health (Pubmed)* de 2016 até 2021. **Resultados:** A pesquisa realizada por Williams e Largaespada fez uso do sistema CRISPR CAS-9 (*Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats*) para a ampliação dos tratamentos da neurofibromatose causada por mutações no gene supressor de tumor NF1 (codifica a neurofibromina).⁽⁴⁾ Já Xiao, Chen e Cui lançaram mão da CRISPR CAS-9 para a depleção do mRNA-21 em carcinoma nasofaringe tendo êxito em suprimir o crescimento celular, bem como sua proliferação nas células CNE2. Ao comparar com grupo controle com o grupo experimental (sgRNA-mir-21) notou-se que expressões de Bcl-2 e Bcl-L diminuíram e a Caspase-3 foi ativada e esses resultados implicaram que o knockdown direcionado do miR-21 foram capazes de induzir apoptose nas células alvos.⁽⁵⁾ **Conclusões:** Levando-se em consideração o que foi abordado, fica evidente que apesar do câncer ser uma doença multifatorial, o novo mosaico que a biotecnologia emergente CRSPR CAS-9 proporciona é um grande diferencial já que pode levar a conhecer as doenças por pontos que antes não eram possíveis e como também transformar o modo de combate-las.



Palavras-chave: CRISPR/Cas9; Genética; Câncer; Biotecnologia.

Referências:

1. Organização Mundial da Saúde. Folha informativa – Câncer. Disponível em: <https://www.paho.org/pt/topicos/cancer> . Acesso em: 15/09/2021.
2. BRASIL. Ministério da saúde. Estimativa 2020. Incidência do Câncer no Brasil – Inca. Rio de Janeiro: 2019.
3. Guannec DL, Farges M, Rougé S, Goepf M, Caldefie-Chezet F, et al. Modulation of interorgan signalling in obese mice by spontaneous physical activity during mammary cancer development. *Scientific Reports*. 2020;8794.
4. Williams KB e Largaespada DA. New Model Systems and the Development of Targeted Therapies for the Treatment of Neurofibromatosis Type 1-Associated Malignant Peripheral Nerve Sheath Tumors. *Genes*. 2020; 11(5): 477.
5. Xiao Z, Chen Y e Cui Z. MicroRNA-21 Depletion by CRISPR/Cas9 in CNE2 Nasopharyngeal Cells Hinders Proliferation and Induces Apoptosis by Targeting the PI3K/AKT/MOTOR Signaling Pathway. *Int J Clin Exp Pathol*. 2020; 13(4): 738-745.





XXVII Semana de Biomedicina "Inovação e Ciência"



D-DÍMERO COMO POTENCIAL BIOMARCADOR DE SEVERIDADE DA INFECÇÃO POR COVID-19: UMA REVISÃO LITERÁRIA.

João Lucas Pessoa de Vasconcelos¹, Saulo Brivaldo Mendonça da Silva², Nathaly Bruna de Oliveira Silva³, Maria Clara Cavalcante Gomes⁴, Ana Barbara Xavier da Silva⁵, Mariana Souza Bezerra Cavalcanti⁶

¹Discente de Biomedicina, Universidade Federal de Pernambuco - UFPE
(joao.pvasconcelos@ufpe.br)

²Discente de Biomedicina, Universidade Federal de Pernambuco - UFPE
(saulo.brivaldo@ufpe.br)

³Discente de Biomedicina, Universidade Federal de Pernambuco - UFPE
(nathaly.bruna@ufpe.br)

⁴Discente de Biomedicina, Universidade Federal de Pernambuco - UFPE
(clara.cavalcanteg@ufpe.br)

⁵Discente de Biomedicina, Universidade Federal de Pernambuco - UFPE
(barbara.xavier@ufpe.br)

⁶Discente de Biomedicina, Universidade Federal de Pernambuco - UFPE
(mariana.souzacavalcanti@ufpe.br)

Introdução: O D-dímero surge na corrente sanguínea como consequência da quebra da rede de fibrina ao final da cascata de coagulação e, portanto, esse fragmento proteico é considerado como um resultado da ativação tanto do sistema de coagulação quanto fibrinolítico^(2,3,5). Os níveis de D-dímero encontram-se elevados em situações como gravidez, inflamação e câncer e sua dosagem é utilizada para identificar a possibilidade de ocorrência de trombose⁽³⁾. Uma vez que o D-dímero é encontrado elevado em casos mais graves de COVID-19 - doença causada pelo SARS-CoV-2 e que surgiu no final de 2019, esse bioproduto pode ser utilizado como biomarcador para avaliar possíveis complicações decorrentes dessa doença, possibilitando a adoção de práticas interventivas^(2,3,4,5). **Objetivos:** Analisar como os níveis de D-dímero se relacionam com a progressão da severidade do quadro clínico de pacientes com COVID-19. **Métodos:** Foi realizada uma busca nas plataformas de dados PubMed e Google Acadêmico e os artigos científicos foram encontrados por meio do descritor "d-dimer AND covid-19". Os critérios de inclusão foram os altos níveis de D-dímero admitidos e seu efeito no prognóstico do paciente. **Resultados:** Frente à pandemia da COVID-19, o D-dímero surge como potencial biomarcador prognóstico, pois seu alto nível está sempre relacionado com a severidade da doença e podendo estar relacionado também com risco de morte do paciente^(1,4,5). O autor Zhang *et al.* reporta em seu estudo que significativamente os pacientes que tiveram concentração de D-dímero > 2ug/ml na admissão apresentaram severidade da doença e um pior prognóstico, e 12 de 13 pacientes que vieram a óbito demonstraram valores >2ug/ml, e assim concluem esse alto valor de D-dímero como *cutoff*, usado para identificar pacientes com piores prognósticos⁽⁵⁾.

De forma semelhante, o estudo de Yao *et al.* também aponta como *cutoff* o valor de D-dímero na admissão $>2\mu\text{g/ml}^{(4)}$. Além disso, o D-dímero também é apontado como única variável relacionada à morte^(4,5). Entretanto, Naymagon *et al.* aponta que não é possível o D-dímero isoladamente servir como marcador prognóstico da COVID-19, e que são necessários estudos de coortes robustas para maiores confirmações⁽¹⁾.

Conclusões: Ainda não se conhece o envolvimento patológico dos altos níveis deste bioproduto com a COVID-19, e as limitações em estudos atuais também contribuem para a má confiabilidade dos resultados. Porém, o D-dímero apresenta alto valor potencial prognóstico, necessitando de mais estudos robustos para melhor confiabilidade dos resultados.

Palavras-chave: D-dímero; COVID-19; Biomarcador; Severidade; Prognóstico.

Referências:

1. NAYMAGON, L. *et al.* **Admission D-dimer levels, D-dimer trends, and outcomes in COVID-19.** *Thrombosis Research* (Vol. 196, p. 99-105). 2020.
2. PALIOGIANNIS, P. *et al.* **D-Dimer Concentrations and COVID-19 Severity: A Systematic Review and Meta-Analysis.** *Frontiers in Public Health* (Vol. 8). 2020.
3. ROSTAMI, M. MANSOURITORGHABEH, H. **D-dimer level in COVID-19 infection: a systematic review.** *Expert Review of Hematology* (Vol. 13, 11^a ed., p.1265-1275). 2020.
4. YAO, Y. *et al.* **D-dimer as a biomarker for disease severity and mortality in COVID-19 patients: a case control study.** *Journal of Intensive Care* (Vol. 8). 2020.
5. ZHANG, L. *et al.* **D-dimer levels on admission to predict in-hospital mortality in patients with Covid-19.** *Journal of Thrombosis and Haemostasis* (Vol.18, 6^a ed., p.1324-1329). 2020.





XXVII Semana de Biomedicina

"Inovação e Ciência"



DESENVOLVIMENTO DE UM GENOSENSOR ELETROQUÍMICO PARA DIAGNÓSTICO DA LEISHMANIOSE UTILIZANDO NANOPARTÍCULAS DE OURO

Sthefany DPaula Elias Torres Gonçalves¹, Fábio Lopes de Melo², César Augusto Souza de Andrade³, Maria Danielly Lima de Oliveira⁴

¹Laboratório de Biodispositivos Nanoestruturados, Departamento de Bioquímica, Universidade Federal de Pernambuco¹ (sthefany.dpetg@gmail.com)

²Lab. Doenças Transmissíveis, Centro de Pesquisas Aggeu Magalhães, Fundação Oswaldo Cruz (Fiocruz)² (fabio@cpqam.fiocruz.br)

³Laboratório de Biodispositivos Nanoestruturados, Departamento de Bioquímica, Universidade Federal de Pernambuco³ (csrandrade@gmail.com)

⁴Laboratório de Biodispositivos Nanoestruturados, Departamento de Bioquímica, Universidade Federal de Pernambuco⁴ (m_danielly@yahoo.com.br)

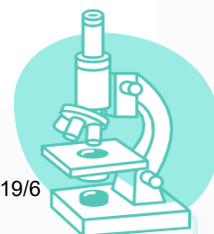
Introdução: A Leishmaniose é uma doença de caráter zoonótico que acomete o homem e outras espécies de animais⁽¹⁾. Esta parasitose é transmitida por protozoários do gênero *Leishmania sp.*, sendo considerada uma enfermidade polimórfica e espectral da pele e das mucosas⁽²⁾. É uma doença crônica e sistêmica que quando não tratada pode evoluir para óbito em mais de 90% dos casos⁽³⁾. Assim, o desenvolvimento de novos métodos diagnósticos para esta doença é de fundamental importância. **Objetivos:** Realizar a modificação do eletrodo de ouro através da adsorção química de 3-mercaptopropiltrimetoxisilano (MPTS) e das nanopartículas de ouro (AuNPs) modificadas com ácido mercaptobenzóico (MBA) para realização da imobilização de uma sonda para reconhecimento do genoma de *Leishmania sp.* **Métodos:** A caracterização destas etapas foi realizada através da técnica de Espectroscopia de Impedância Eletroquímica (EIE) e Voltametria Cíclica (VC). A análise de EIE foi realizada numa faixa de frequência de 100 mHz a 100 kHz, numa amplitude de 10 mV, enquanto a VC, foi realizada com faixa de frequência de 0,2 a 0,7 V e amplitude 50 mV.s⁻¹, utilizando-se o ferro-ferricianeto de potássio a 10 mM como sonda redox. **Resultados:** A EIE revelou que a camada automontada composta por MPTS foi adsorvida adequadamente na superfície do eletrodo, sendo observado um aumento na impedância total do sistema refletido pelo incremento da resistência a transferência de cargas (RCT). A otimização do sistema, devido a adição de AuNPs, o tornou mais condutor, em seguida um novo aumento do RCT após a adição da Sonda_{Leish.} provou que o sistema MPTS-AuNPs-Sonda_{Leish.} foi obtido. O VC apresentou variações nas correntes de pico, comprovando a adsorção das camadas. Posteriormente, o sistema foi capaz de detectar *Leishmania sp.* em amostras de pacientes contaminados. **Conclusão:** Diante disto, foi possível verificar que a plataforma desenvolvida manteve e estabeleceu um processo de hibridização específica quando o genoma e amostras de soro contaminadas com *Leishmania sp.* foram avaliadas, certificando que a plataforma é altamente indicada como método de detecção de *Leishmania sp.*, apresentando baixo custo, sensibilidade e especificidade para diagnóstico da leishmaniose, com limite de detecção de 1 pg/mL⁻¹.



Palavras-chave: biossensor; leishmaniose; eletroquímica; impedância eletroquímica.

Referências:

- 1- NEVES, D. P. Parasitologia Humana. 11. ed. São Paulo: Atheneu, 2005. Acesso em 06 set. 2021.
- 2- FERNANDES, Sonia Elizabete et al. Avaliação do conhecimento sobre leishmaniose em escolares do ensino fundamental e médio de Cambé-Paraná. Biosáude, Londrina, v. 8, n. 2, p. 91-108, jul./dez. 2006. Acesso em 06 set. 2021.
- 3- PELISSARI, Daniele Maria et al . Tratamento da Leishmaniose Visceral e Leishmaniose Tegumentar Americana no Brasil. Epidemiol. Serv. Saúde, Brasília , v. 20, n. 1, p. 107-110, mar. 2011. Disponível em <http://scielo.iec.gov.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1679-49742011000100012&lng=pt&nrm=iso>. Acesso em 06 set. 2021. <http://dx.doi.org/10.5123/S1679-49742011000100012>.





XXVII Semana de Biomedicina "Inovação e Ciência"



MICRORNAS COMO PONTECIAIS BIOMARCADORES PARA O CÂNCER DE MAMA.

¹Marina Macedo Gomes, ²Kamylle Cynnara Tavares da Silva

¹Universidade Federal de Pernambuco (mmg21052001@gmail.com / (85)96127442) ²
Universidade Federal de Pernambuco (kamylle.cynnara@ufpe.br)

Introdução: O câncer de mama é o mais frequente na população de mulheres e uma das principais causas de mortalidade no mundo.⁽²⁾⁽⁵⁾ Devido a seu caráter heterogêneo essa doença pode ser classificada em subtipos e em estágios, sendo a identificação precisa e rápida essencial para determinação do diagnóstico e do tratamento.⁽¹⁾⁽⁵⁾ Com isso, muitos estudos vêm analisando a aplicação de microRNAs como biomarcadores, pois, além deles estarem associados com efeitos oncogênicos ou supressores de tumor, têm apresentado alta especificidade no tecido, grande estabilidade e expressão aberrante em diferentes categorias de tumor.⁽¹⁾⁽⁴⁾⁽⁵⁾ **Objetivos:** O presente trabalho visa reunir informações acerca das possibilidades de uso de microRNAs como biomarcadores para câncer de mama. **Métodos:** Para a construção deste trabalho o conteúdo literário foi obtido, a partir, do acesso aos artigos disponíveis na plataforma PubMed, encontrados mediante a utilização das palavras-chave. **Resultados:** MicroRNAs se configuram como RNAs não codificantes capazes de regular a expressão gênica através da degradação ou repressão da tradução de RNA mensageiros-alvo.⁽⁵⁾ Estudos identificaram associações entre disfunção das regulações dos microRNAs com o desenvolvimento da carcinogênese e a disseminação metastática do câncer de mama.⁽¹⁾⁽²⁾⁽³⁾ A partir da análise do perfil dos microRNAs circulantes de indivíduos afetados e da associação deles aos locais metastáticos distintos na metástase do câncer de mama, foi sugerido a possibilidade de usa-los como biomarcadores, visto que conseguiram discriminar entre diferentes estágios dessa doença, tornando-os candidatos atraentes para a detecção precoce.⁽⁴⁾⁽⁵⁾ Além disso, diferentes estudos demonstraram a possibilidade de distinção de subtipos moleculares de câncer de mama, por meio da investigação dos perfis de expressão de microRNAs, de modo que a expressão diferencial de microRNAs resultou em uma classificação de subtipos basais e luminais, ademais, permitiu a associação do status do receptor de estrogênio, do receptor de progesterona e do receptor do fator de crescimento epidérmico humano 2 com a expressão de determinados microRNAs.⁽¹⁾⁽⁵⁾ Entretanto, as análises dessas moléculas na tomada de decisão clínica ainda são insuficientes, visto que ainda há necessidade de validar firmemente esses achados em coortes independentes adicionais ou por estudos de verificação pré-clínica e estabelecimento de protocolos padronizados.⁽¹⁾⁽³⁾⁽⁵⁾ **Conclusão:** Portanto, apesar da indiscutível necessidade de validação da sua aplicação, o avanço nas pesquisas de identificação de quais microRNAs estão envolvidos no câncer de mama e quais as funções que desempenham, está permitindo estabelecimento de perfis de microRNAs capazes de atuar como promissores biomarcadores para diagnóstico do câncer de mama.

Palavras-chave: biomarkers, MicroRNAs, breast cancer



Referências:

1. CONDRAT, C. E. et al. MiRNAs as biomarkers in disease: Latest findings regarding their role in diagnosis and prognosis. **Cells (Basel, Switzerland)**, v. 9, n. 2, p. 276, 2020.
2. FRIDRICHOVA, I.; ZMETAKOVA, I. MicroRNAs contribute to breast cancer invasiveness. **Cells (Basel, Switzerland)**, v. 8, n. 11, p. 1361, 2019.
3. IORIO, M. V.; CROCE, C. M. MicroRNA dysregulation in cancer: diagnostics, monitoring and therapeutics. A comprehensive review: MicroRNAs in cancer. **EMBO molecular medicine**, v. 4, n. 3, p. 143–159, 2012.
4. MCGUIRE, A.; BROWN, J. A. L.; KERIN, M. J. Metastatic breast cancer: the potential of miRNA for diagnosis and treatment monitoring. **Cancer metastasis reviews**, v. 34, n. 1, p. 145–155, 2015.
5. VAN SCHOONEVELD, E. et al. Dysregulation of microRNAs in breast cancer and their potential role as prognostic and predictive biomarkers in patient management. **Breast cancer research: BCR**, v. 17, n. 1, p. 21, 2015.





XXVII Semana de Biomedicina "Inovação e Ciência"



MUTAÇÃO DOS GENES BRCA1 E BRCA2 COMO ETIOLOGIA GENÉTICA DO CÂNCER DE MAMA.

¹Marina Macedo Gomes, ²Kamylle Cynnara Tavares da Silva

¹Universidade Federal de Pernambuco (mmg21052001@gmail.com/ (85)96127442) ²
Universidade Federal de Pernambuco (kamylle.cynnara@ufpe.br)

Introdução: Tendo em vista que mulheres portadoras de mutações em BRCA1 ou BRCA2 apresentam um risco de câncer de mama ao longo da vida de 50% a 85%,⁽⁵⁾ as alterações herdadas desses genes se apresentam como considerável fator de risco para o desenvolvimento dessa categoria de câncer. Logo, a compreensão dessa correlação corresponde a um importante aspecto para o manejo de famílias de alto risco para câncer de mama. **Objetivos:** O presente trabalho apresenta como objetivo reunir informações relacionadas a presença de mutações nos genes BRCA1 e BRCA2 como etiologia genética do câncer de mama hereditário. **Métodos:** Para a construção deste trabalho o conteúdo literário foi obtido, a partir, do acesso às publicações disponíveis na plataforma de busca do Google Acadêmico, encontradas mediante a utilização das palavras-chave, e oriundos de sites, como PubMed-NCBI (National Library of Medicine). **Resultados:** Os genes BRCA foram classificados como genes supressores de tumores, apresentam estruturas complexas com cerca de 100 Kb sendo encontrados nos braços longos dos cromossomos 17 para BRCA1 e 13 para BRCA2.⁽¹⁾⁽²⁾⁽⁵⁾ Eles codificam proteínas essenciais para reparação do DNA, indução da apoptose e regulação da atividade de outros genes, logo, quando são inativados, devido às mutações, esses mecanismos são desregulados provocando os efeitos característicos da neoplasia.⁽¹⁾⁽²⁾⁽⁵⁾ As mutações nesses genes são herdadas de maneira autossômica dominante, mas agem recessivamente no nível celular, sendo necessário, para o desenvolvimento de neoplasia, ocorrer a perda da função de ambos alelos, de modo que um alelo mutante seja herdado e o segundo silenciado por uma mutação somática.⁽¹⁾⁽²⁾⁽³⁾ Desse modo, os portadores necessitam de menos alterações somáticas para ocorrência da inativação das proteínas codificadas, por consequência maior probabilidade de desenvolver o câncer de mama.⁽¹⁾⁽²⁾⁽³⁾ Observa-se, ademais, que os tumores relacionados a BRCA1 e BRCA2 diferem quanto a sua aparência histopatológica, características citológicas e arquitetônicas, tanto entre si como em relação aos cânceres esporádicos, evidenciando a possível necessidade de desenvolvimento de terapias mais específicas.⁽¹⁾⁽⁴⁾ **Conclusões:** Dessa forma, é possível concluir como ocorre as mutações herdadas dos genes BRCA1 e BRCA2, e sua associação com a predisposição dos portadores dessas mutações com o maior risco de desenvolvimento de câncer de mama. Com isso, para obtenção de tratamentos e prognósticos melhores, faz-se oportuna o estudo e divulgação dessa etiologia genética do câncer de mama.

Palavras-chave: BRCA1, BRCA2, câncer de mama, breast câncer, genetic susceptibility



Referências:

1. CASTRALLI, H. A.; BAYER, V. M. L. Câncer de mama com etiologia genética de mutação em BRCA1 e BRCA2: uma síntese da literatura / Breast cancer with genetic etiology of mutation in brca1 and brca2: a synthesis of the literature. *Brazilian Journal of Health Review*, v. 2, n. 3, p. 2215–2224, 2019.
2. COELHO, A. S. et al. Hereditary predisposition to breast cancer and its relation to the BRCA1 and BRCA2 genes: literature review. *RBAC*, v. 50, n. 1, 2018.
3. LAJUS, T. B. P. A utilização de inibidores de PARP na profilaxia e no tratamento do câncer de mama deficiente no gene BRCA1. *Revista de Ciências Médicas e Biológicas*, v. 9, n. 3, p. 252, 2010.
4. MAVADDAT, N. et al. Genetic susceptibility to breast cancer. *Molecular oncology*, v. 4, n. 3, p. 174–191, 2010.
5. SHIOVITZ, S.; KORDE, L. A. Genetics of breast cancer: a topic in evolution. *Annals of oncology*, v. 26, n. 7, p. 1291–1299, 2015.





XXVII Semana de Biomedicina "Inovação e Ciência"



POLIMORFISMO NO GENE *GNB3* E O DESENVOLVIMENTO DA DIABETES MELLITUS TIPO II: UMA REVISÃO DE LITERATURA

Leticia Eduarda de Oliveira¹ Mariana Souza Bezerra Cavalcanti² Maria Eduarda de Albuquerque Borborema³ Jaqueline de Azevêdo Silva⁴

¹ Discente de Biomedicina, Universidade Federal de Pernambuco - UFPE
(leticia.eoliveira@ufpe.br)

² Discente de Biomedicina, Universidade Federal de Pernambuco - UFPE
(mariana.souzacavalcanti@ufpe.br)

³ Doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Genética (PPGG), Universidade Federal de Pernambuco – UFPE
(eduarda.borborema@ufpe.br)

⁴ Professora da Universidade Federal de Pernambuco – UFPE
(jaqueline.azevedo@ufpe.br)

Introdução: O diabetes mellitus (DM) destaca-se, atualmente, como importante causa de morbidade e mortalidade. Estimativas globais indicam que 382 milhões de pessoas vivem com DM (8,3%), e esse número poderá chegar a 592 milhões em 2035⁽¹⁾. Com destaque para o diabetes mellitus tipo II (DM2), doença multifatorial associada a fatores genéticos e ambientais⁽²⁾. Caracterizado pela resistência à insulina e hiperglicemia, o DM2 é alvo de diversos estudos para compreender os principais fatores genéticos envolvidos em seu desenvolvimento⁽³⁾. Dentre eles, os polimorfismos em certos genes estão relacionados a uma maior susceptibilidade ao desenvolvimento da doença, com destaque para alterações no gene da subunidade beta 3 da proteína G humana (*GNB3*), uma molécula sinalizadora envolvida na regulação dos níveis de glicose pela sinalização da via metabólica da insulina. Já foi comprovado que polimorfismos nesse gene estariam associados ao desenvolvimento da doença e de suas complicações⁽⁴⁾. **Objetivos:** Este resumo tem como objetivo relacionar o impacto do polimorfismo no gene *GNB3* contribuindo para a DM2. **Métodos:** Foi realizada pesquisa nas bases públicas de dados de artigos científicos: PubMed e Google Acadêmico usando os descritores “type 2 diabetes mellitus” e “type 2 diabetes mellitus and genetics” durante o período de 26 de agosto à 4 de setembro. **Resultados:** O marcador rs5443 localizado no gene *GNB3* foi associado a uma série de condições metabólicas, incluindo a obesidade, doença arterial coronariana, resistência à insulina e DM2⁽³⁾. A alteração no gene *GNB3* devido a alguma mutação ou polimorfismo pode levar a defeitos na proteína G codificada por este gene. Essas alterações polimórficas estão associadas ao desenvolvimento de DM2, bem como às complicações secundárias associadas⁽⁴⁾. **Conclusão:** O polimorfismo *GNB3* rs5443 pode conferir efeitos no DM2 tais como algumas condições metabólicas associadas como a obesidade, hipertensão e arteriosclerose. Desta forma sua detecção nos indivíduos indicam maior risco para o desenvolvimento da doença.

Palavras-chave: diabetes mellitus tipo 2; polimorfismos; *GNB3*.

Referências:

1. Flor, Luisa Sorio; Campos, Monica Rodrigues. Prevalência de diabetes mellitus e fatores associados na população adulta brasileira: evidências de um inquérito de base populacional. *Rev. bras. epidemiol* ; 20(1): 16-29, Jan.-Mar. 2017. tab, graf.
2. Reis, André; Velho, Gilberto. Bases Genéticas do Diabetes Mellitus Tipo 2. Arquivos Brasileiros de Endocrinologia & Metabologia. 46.
3. Jumana Al-Aama, Hadiah B. Al Mahdi, Mohammed A. Salama, Khadija Bakur, Amani Alhozali, Hala Mosli, Suhad M. Bahijri, Ahmed Bahieldin, Ramu Elango, Lothar Willmitzer & Sherif Edris (2019) Detecção rápida de diabetes tipo II mellitus em pacientes sauditas por meio de triagem simultânea de vários SNPs, *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 33: 1, 1319-1326
4. Rizvi S, Raza ST, Rahman Q, Mahdi F. Papel dos genes GNB3, NET, KCNJ11, TCF7L2 e GRL polimorfismo de nucleotídeo único na predição de risco de diabetes mellitus tipo 2. *3 Biotech* . 2016; 6 (2): 255.





XXVII Semana de Biomedicina "Inovação e Ciência"



USO DA ELETROFORESE NO DIAGNÓSTICO DA ANEMIA FALCIFORME: UMA REVISÃO INTEGRATIVA

Mariane de Melo Derzi ¹, Vivian Kelen Gonçalves de Almeida ², Thamires Felix dos Santos ³, Júlia Gabriela Melo Carneiro da Cunha ⁴, Doralice Conceição da Paz Neta ⁵

¹ Universidade Federal de Pernambuco (mariane.derzi@ufpe.br)

² Universidade Federal de Pernambuco (vivian.kelen@ufpe.br)

³ Universidade Federal de Pernambuco (thamires.felix@ufpe.br)

⁴ Universidade Federal de Pernambuco (julia.melocunha@ufpe.br)

⁵ Universidade Federal de Pernambuco (doralice.paz@ufpe.br)

Introdução: A anemia falciforme (AF) é uma doença hereditária que se caracteriza por uma mutação no cromossomo 11, onde há uma alteração no sexto códon da cadeia beta (β) substituindo Adenina por Timina ⁽¹⁾. Dessa forma, ocorre a alteração na morfologia dando origem à hemoglobina S (HbS), que adquire a forma de foice em decorrência da baixa quantidade de oxigênio, ocasionando má circulação, dor, e lesões em órgãos como cérebro, pulmões e rins. A eletroforese é um dos principais métodos usados para diagnóstico dessa patologia, identificando as hemoglobinas HbA, HbF, HbC e HbS, servindo, portanto, como diagnóstico confirmatório para doença falciforme quando apresenta HbS positivo no exame. Como se trata de uma doença degenerativa, o diagnóstico precoce é fundamental para contribuir, de forma efetiva, com o planejamento e a melhoria da qualidade de vida dos pacientes ⁽²⁾.

Objetivos: Nessa revisão, analisamos a eficiência da eletroforese, a fim de verificar sua contribuição no diagnóstico precoce da anemia falciforme. **Métodos:** Efetuamos uma revisão integrativa através das bases de dados Google Scholar e Scielo. Utilizando os descritores em português: "Anemia falciforme", "Diagnóstico" e "Eletroforese". Foram empregados como critério de inclusão: está enquadrado nos objetivos do estudo, encontrar-se no idioma português e ser publicado entre os anos 2017-2021. No total, nove artigos atenderam aos requisitos propostos. **Resultados:** Foi observado que a eletroforese da hemoglobina promove a identificação das hemoglobinas presentes no sangue, avaliando com exatidão a ocorrência da anemia falciforme, sendo, então, um método de diagnóstico eficaz na identificação precoce de hemoglobinopatias. A eletroforese alcalina em acetato de celulose apresenta boa capacidade de armazenamento por longo prazo e é utilizada em exames de rotina e laboratoriais. No entanto, a eletroforese ácida em ágar apresenta melhor fragmentação da amostra do que a gerada com fracionamento de acetato de celulose. Neste método haverá a diferenciação entre hemoglobinas que migram para o mesmo local do pH alcalino, como nas hemoglobinas S, D, C e E ⁽³⁾. Ademais, a técnica é amplamente usada em exames laboratoriais devido seu baixo custo, auxiliando em um acompanhamento prévio da presença da doença ou do traço genético. Isso possibilita uma intervenção precoce, diminuindo a mortalidade e morbidade da patologia, além da possibilidade de um aconselhamento genético. **Conclusões:** Verifica-se que o uso da eletroforese constitui um método diagnóstico eficiente, uma vez que possibilita a identificação dos tipos de hemoglobina presentes no sangue, promovendo a identificação da anemia falciforme.

Palavras-chave: Anemia falciforme; Eletroforese; Diagnóstico.



Referências:

1. DE FARIA OLIVEIRA, Pollyanna; SANTO MENDES, Nathália Barbosa do Espírito. CONHECENDO A ANEMIA FALCIFORME. **Biológica-Caderno do Curso de Ciências Biológicas**, v. 1, n. 1, 2019.
2. ARAÚJO, F. das C.; SOUSA, Érica Q. de; RODRIGUES, T. N.; RODRIGUES, I. R.; MELO, D. S. de; MONTE, A. P. C. de S.; ANDRADE, S. M. de; OLIVEIRA, E. H. de. Early diagnosis of sickle cell anemia: a literature review. *Research, Society and Development*, [S. l.], v. 9, n. 4, p. e79942516, 2020. DOI: 10.33448/rsd-v9i4.2516. Disponível em: <https://rsdjournal.org/index.php/rsd/article/view/2516>. Acesso em: 9 sep. 2021.
3. DE ALCANTARA, Patrícia Giselle Almeida et al. O papel da biomedicina no diagnóstico e aconselhamento genético nos casos de anemia falciforme. **Brazilian Journal of Development**, v. 7, n. 6, p. 56590-56605, 2021.
4. NAOUM, P. C.; NAOUM, F. A.; NAOUM, P. F. Diagnóstico laboratorial das doenças das células falciformes. Naoum PC, Naoum FA. Doença das Células Falciformes. São Paulo: Sarvier, 2004, 111-31.





XXVII Semana de Biomedicina

"Inovação e Ciência"



DESENVOLVIMENTO DE UM IMUNOSSENSOR IMPEDIMÉTRICO PARA A ANÁLISE DE MICOTOXINAS A PARTIR DO USO DE NANOPARTÍCULAS DE ÓXIDO DE ZINCO E ANTI-AFLATOXINA B1

Brenda M. Cerqueira¹, Beatriz S. Guerra^{1,2}, Cesar A.S. Andrade^{1,2}, Maria D. L. Oliveira^{1,2}.

¹Laboratório de Biodispositivos Nanoestruturados - Departamento de Bioquímica, Universidade Federal de Pernambuco.

²Programa de pós-graduação em Inovação Terapêutica, Universidade Federal de Pernambuco.

E-mail: brenda.marques00@gmail.com

Introdução: Micotoxinas são metabólitos secundários fúngicos responsáveis pelo desenvolvimento de doenças ou a morte em seres humanos e animais^(1,2). Neste grupo destacam-se as aflatoxinas, sendo subdividida em 4 (B1, B2, G1 e G2), no qual a AFLA B1 é a mais potencialmente carcinogênica do grupo, segundo a agência internacional de pesquisa sobre o câncer (IARC)⁽¹⁾. Sua intoxicação é responsável por grande perda alimentícia mundial⁽³⁾. Então, o controle dos níveis de AFLA B1 é necessário para garantir a segurança alimentar. As técnicas existentes são baseadas em cromatografia líquida de alta eficiência ou espectrofotometria⁽³⁾. Elas são ferramentas com uma boa sensibilidade, contudo a indústria alimentícia necessita de metodologias mais simples, rápidas e de baixo custo. Para este obstáculo, há o desenvolvimento de biossensores⁽²⁾. Neste quadro, destacam-se os imunossensores que utilizam anticorpos acoplados a um transdutor físico-químico, os quais são capazes de gerar um sinal mensurável, para o reconhecimento do analito alvo⁽⁴⁾. **Objetivo:** Este trabalho tem como objetivo o desenvolvimento de um biodispositivo eletroquímico capaz de mensurar AFLA B1. **Métodos:** Para o desenvolvimento deste trabalho foi empregada para análise da interação biomolecular, as técnicas eletroquímicas de espectroscopia de impedância eletroquímica (EIE) e voltametria cíclica (VC), capazes de caracterizar cada camada de bioreconhecimento adsorvida no eletrodo⁽⁴⁾. **Resultados:** O eletrodo mostrou variações de respostas para as técnicas de VC e EIE, após adsorção das camadas de cisteína, nanopartícula de óxido de zinco e do anticorpo anti-AFLA B1 na superfície do eletrodo de ouro. A alteração na redução da taxa de transferência de elétrons demonstrou que houve modificação da superfície. Em adição, o imunossensor foi capaz de detectar AFB1 em diferentes



concentrações o que denota a manutenção da bioatividade do anticorpo após imobilização. **Conclusões:** O biossensor desenvolvido é capaz de detectar AFB1 sendo uma futura alternativa para identificação de toxinas alimentares.

Palavras-chave: Aflatoxinas; nanotecnologia; alimentos.

Referências:

1. ABNOUS, Khalil *et al.* A new amplified π -shape electrochemical aptasensor for ultrasensitive detection of aflatoxin B1. **Biosensors And Bioelectronics**, v. 94, p. 374-379, 2017. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.bios.2017.03.028>. Acesso em 06 de set. 2021.
2. COSTA, Maurilia P. *et al.* Impedimetric immunoassay for aflatoxin B1 using a cysteine modified gold electrode with covalently immobilized carbon nanotubes. **Microchimica Acta**, v. 184, n. 9, p. 3205-3213, 2017. Springer Science and Business Media LLC. <http://dx.doi.org/10.1007/s00604-017-2308-y>. Acesso em 06 de set. 2021.
3. LIU, Dong *et al.* Recent progress on electrochemical biosensing of aflatoxins: a review. **Trac Trends In Analytical Chemistry**, v. 133, p. 115966, 2020. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.trac.2020.115966>. Acesso em 06 de set. 2021.
4. OLIVEIRA, Maria D.L. *et al.* Electrochemical evaluation of lectin–sugar interaction on gold electrode modified with colloidal gold and polyvinyl butyral. **Colloids And Surfaces B: Biointerfaces**, v. 66, n. 1, p. 13-19, 2008. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.colsurfb.2008.05.002>. Acesso em 06 de set. 2021.





XXVII Semana de Biomedicina "Inovação e Ciência"



A EFICÁCIA DA TERAPIA FOTODINÂMICA NO TRATAMENTO ENDODÔNTICO

Sandro Matheus Albuquerque da Silva¹, Artur José da Silva², Maria Eduarda de Alencar Barreto³, Bárbara Silva Gonzaga⁴, Brenda da Silva Araújo⁵, Eduarda Santos Silva⁶, Bárbara Lacerda Carvalho⁷.

¹Universidade Federal de Pernambuco¹ (sandromatheus.ads@gmail.com)

²Universidade Federal de Pernambuco² (artur.jsilva@ufpe.br)

³Universidade Federal de Pernambuco³ (eduardaodonto2019.2@gmail.com)

⁴Universidade Federal de Pernambuco⁴ (barbara.gonzaga@ufpe.br)

⁵Universidade Federal de Pernambuco⁵ (brendaaraujoodontologia@gmail.com)

⁶Universidade Federal de Pernambuco⁶ (eduardasts@outlook.com)

⁷Universidade Federal de Pernambuco⁷ (barbara.lacerda@ufpe.br)

Introdução: As lesões de cárie e os traumas dentários são os principais agentes etiológicos da necessidade de intervenções endodônticas dentárias. Quando estabelecida a infecção pulpar irreversível dos dentes, indica-se a realização de um tratamento endodôntico radical, objetivando evitar a perda do elemento dentário em questão⁽¹⁾. Mesmo com avanços no campo da endodontia, ainda se encontram percalços na total efetivação do tratamento endodôntico, levando à persistência da infecção e revelando a necessidade da introdução de novas técnicas⁽²⁾. A terapia fotodinâmica, considerada uma técnica auxiliar promissora, consiste na utilização de uma fonte de luz, um fotossensibilizador e o oxigênio molecular da área, que na reação liberam espécies reativas de oxigênio (ERO's), que por sua vez interagem com os microrganismos do canal radicular, causando danos à sua estrutura e levando-os a morte^(2,3). **Objetivos:** Investigar a eficácia da terapia fotodinâmica no tratamento endodôntico. **Métodos:** Realizou-se uma busca exploratória nos bancos de dados PubMed e Biblioteca Virtual em Saúde (BVS), utilizando os descritores Fotoquimioterapia, Terapia Fotodinâmica, Tratamento Endodôntico e Cavidade Pulpar. Os critérios de inclusão foram: artigos publicados nos últimos 6 anos, nas línguas portuguesa, inglesa ou espanhola e que atenderam ao tema, excluindo-se, portanto, artigos que não abordaram o tema e que superaram o lapso temporal estabelecido. **Resultados:** A transferência de energia gerada na reação, produz espécies reativas de oxigênio, e tais espécies, por conseguinte, causam danos às proteínas, lipídios, ácidos nucleicos e outros componentes de células microbianas, destruindo-as. Deste modo, visto que o mecanismo de ação da técnica é antimicrobiano, a mesma se torna valiosa no tratamento endodôntico, pois não favorece a resistência microbiana^(1,4). O desejo de encontrar métodos de desinfecção mais eficientes dos canais radiculares e a potencial ação antimicrobiana da Terapia Fotodinâmica, fizeram com que esta começasse a ser testada em tratamentos endodônticos, mostrando melhores resultados quando comparados ao tratamento tradicional^(1,3).

Os achados bibliográficos, relataram, em ensaios clínicos, que a combinação da Terapia Fotodinâmica com os tratamentos endodônticos convencionais, pode ser a responsável pela desinfecção eficiente dos canais radiculares, já que quedas significativas do número de microrganismos foram observadas⁽³⁾. **Conclusões:** Depreende-se, portanto, que o uso da Terapia Fotodinâmica no tratamento endodôntico mostra-se como técnica promissora, visto que, através dos seus mecanismos é possível obter-se o decaimento dos microrganismos nos canais radiculares e, conseqüentemente, sucesso na desinfecção, entretanto, mais estudos ainda devem ser realizados para corroborar os achados literários, sobretudo no campo da endodontia de dentes decíduos.

Palavras-chave: Terapia Fotodinâmica; Fotoquimioterapia; Tratamento Endodôntico; Cavidade pulpar.

Referências:

1. MOTA, Ana Caroline Costa *et al.* Evaluation of the effectiveness of photodynamic therapy for the endodontic treatment of primary teeth: study protocol for a randomized controlled clinical trial. **Trials**, [s. l.], v. 16, n. 551, p. 1-6, 2015. Disponível em: <https://trialsjournal.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13063-015-1086-2>. Acesso em: 06 set. 2021.
2. MIRANDA, Rachel Garcia; COLOMBO, Ana Paula Vieira. Clinical and microbiological effectiveness of photodynamic therapy on primary endodontic infections: a 6-month randomized clinical trial. **Clinical Oral Investigations**, [s. l.], v. 22, p. 1751-1761, Nov., 2018. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007%2Fs00784-017-2270-4>. Acesso em: 06 set. 2021.
3. SILVA, Caroline C.da *et al.* Antimicrobial photodynamic therapy associated with conventional endodontic treatment: a clinical and molecular microbiological study. **Photochemistry and Photobiology**, [s. l.], v. 94, n. 2, p. 351-356, Nov., 2017. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/php.12869>. Acesso em: 06 set. 2021.
4. OKAMOTO, Camila Basilio *et al.* Photodynamic therapy for endodontic treatment of primary teeth: a randomized controlled clinical trial. **Photodiagnosis and Photodynamic Therapy**, [s. l.], v. 30, n. 101732, p. 1-6, June, 2020. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1572100020300855?via%3Dihub>. Acesso em: 06 set. 2021.





XXVII Semana de Biomedicina "Inovação e Ciência"



ANÁLISE COMPUTACIONAL DA INTERAÇÃO ENTRE O CANAL IÔNICO DE α -HL E COMPOSTOS TIAZOLIDÍNICOS

Maria Isabel dos Santos Cavalcanti¹, Débora Brígida Moura de Freitas², Dijanah Cota Machado³, Cláudio Gabriel Rodrigues⁴

¹Universidade Federal de Pernambuco (isabel.scavalcanti@ufpe.br) ²Universidade Federal de Pernambuco (debora.brigida@ufpe.br) ³Universidade Federal de Pernambuco (dijanah.machado@ufpe.br) ⁴Universidade Federal de Pernambuco (claudio.rodrigues@ufpe.br)

Introdução: *Staphylococcus aureus* (*S. aureus*) é uma bactéria associada a diversas infecções, tanto na comunidade quanto em ambiente hospitalar, ocasionando desde infecção cutânea até septicemia⁽¹⁾. Um importante fator de virulência é a exotoxina alfa-hemolisina (α -HL), que oligomeriza e forma canais iônicos transmembranares nas células-alvo, permitindo o fluxo livre de várias espécies químicas, resultando na morte celular⁽²⁾. Diversas cepas de *S. aureus* exibem multirresistência aos antibióticos, limitando as opções de tratamento. Os derivados tiazolidínicos podem ser uma boa alternativa para bloquear o α -HL, pois possuem amplas propriedades bioativas, como por exemplo a antimicrobiana para cepas multirresistentes, sendo eficazes contra o *S. aureus* e inibindo o seu crescimento⁽³⁾. **Objetivos:** Dada a importância da busca de compostos com ação antibacteriana, via bloqueio da α -HL, este trabalho visa analisar, via docagem molecular, a interação de derivados tiazolidínicos 5-benzilideno com o canal iônico formado pela toxina. **Métodos:** A estrutura cristalográfica da α -HL de *S. aureus* foi obtida pelo Protein Data Bank (PDB) e utilizou-se o MolView para modelagem dos compostos denominados GQ294 e GQ443, posteriormente submetidos ao Avogadro 1.1.1 para minimização de energia molecular. A docagem foi realizada pelo DockThor e os resultados foram analisados utilizando o Discovery Studio Visualizer. **Resultados:** A partir dos resultados de docagem pelo DockThor, foi obtida uma classificação dos compostos de acordo com suas energias totais e scores de afinidade com a toxina. Os valores de energia total do GQ443 e GQ294 foram iguais a -15,152 KJ/ mol e -19,009 KJ/ mol, respectivamente. Enquanto o score de afinidade de GQ443 e GQ294 foi de -6,820 Kcal/ mol e -5,902 Kcal/ mol respectivamente. As análises obtidas a partir do Discovery Studio Visualizer demonstraram que os dois compostos interagem com a região de constrição do canal iônico, principalmente com os resíduos GLU 111 e LYS 147, sendo estas interações mediadas principalmente por ligações de hidrogênio, além de interações do tipo cátion- π , π -alquila, π -enxofre. Esses dados corroboram com outros trabalhos já encontrados na literatura⁽⁴⁾. **Conclusões:** Os resultados indicam, preditivamente, que os compostos GQ443 e GQ294 interagem com o canal da α -HL na região de constrição, sugerindo um bloqueio de sua atividade. São necessários dados experimentais para elucidar os dados teóricos já obtidos.

Palavras-chave: alfa-hemolisina, tiazolidínicos, *Staphylococcus aureus*.



Referências:

1. COHEN, T.S. et al. Staphylococcus aureus α toxin potentiates opportunistic bacterial lung infections. *Science Translational Medicine*, v. 8, n. 329, p. 329, 2016.
2. BHAKDI, S.; TRANUM-JENSEN J. Alpha-toxin of Staphylococcus aureus. *Microbiol Rev.* v. 55, n.4, p.733-751, 1991.
3. TOMASIC, T. et al. Synthesis and antibacterial activity of 5-ylidenethiazolidin-4-ones and 5-benzylidene-4,6- pyrimidinediones. *European Journal of Medicinal Chemistry*, v. 45, p. 1667-1672, 2010.
4. MELO, M.C.A et al. Inhibition of the hemolytic activity caused by Staphylococcus aureus alpha-hemolysin through isatin-Schiff copper (II) complexes. *FEMS Microbiology Letters*, v. 363, n. 1, p. 207, 2016.





XXVII Semana de Biomedicina "Inovação e Ciência"



ANÁLISE DA RETIRADA PARCIAL DO TECIDO MAMÁRIO EM PACIENTES ONCOLÓGICOS

Juliana Michelle Da Silva¹ Juliana Tiemi Oikawa² Vitória Mayanne Silva do Nascimento³

Universidade Federal de Pernambuco¹(julianamichelled7@gmail.com)

Universidade Federal de Pernambuco² (juliana.oikawa@gmail.com)

Universidade Federal de Pernambuco³(vitoria.mayanne@ufpe.br)

Introdução: O câncer é uma das doenças mais prevalentes no mundo. Todos os anos várias pessoas passam pela cirurgia de mastectomia que visa a retirada do tecido mamário para auxiliar no tratamento oncológico. **Objetivos:** Revisar o estudo da análise da recorrência de câncer oncológico através da análise do tecido mamário individual. **Métodos:** Este trabalho trata-se de um revisão de literatura na qual foi feita com base no levantamento de dados através de artigos do National Center for Biotechnology Informations. **Resultados:** Nota se que durante o tratamento de pacientes oncológicos mamários a necessidade em sua maioria da retirada do tecido mamário, buscando estética do paciente faz se á uma mastectomia que retire o mínimo possível. tornando se cada vez mais comum caso em que os pacientes fazem mastectomia em que a pele ou o mamilo são preservados. Contudo deve-se levar em conta outros aspectos além da estética. A prevalência da eficácia e segurança desses procedimentos, especialmente NSM e mastectomia poupadora de aréola, no tratamento do câncer de mama permanecem questionáveis. Uma revisão recente do Cochrane Breast Cancer Group concluiu que a qualidade das evidências para todos os resultados, incluindo sobrevida global e local livre de doença, foi considerada muito baixa.¹ Embora exista um valor de referência oncológicamente seguro (5 mm) para o retalho cutâneo, na prática clínica e nos exames de imagem, observamos resultados variáveis, como retalhos não homogêneos finos em alguns pontos, mas espessos em outros bem como como visível e grandes quantidades de RBT². A falta de padronização desses procedimentos cirúrgicos e análises de imagem tem impacto significativo na decisão quanto à radioterapia adjuvante (RT) após mastectomias menos radicais. A diferença entre os diferentes níveis entre o resíduo de tecido mamário em pacientes que passaram por cirurgia devido a tratamento oncológico.³ **Conclusões:** Este trabalho permitiu observar a necessidade da retirada total do tecido mamário, para melhor eficácia no tratamento de câncer.

Palavras-chave: Mastectomia; Câncer; mamário.

Referências: Análise da espessura do retalho cutâneo e tecido mamário residual após mastectomia; Daniela Gregolin Giannotti, et al; 2018 ¹ Análise da espessura do retalho cutâneo e tecido mamário residual após mastectomia; Daniela Gregolin Giannotti, et al; 2018 ² Análise da espessura do retalho cutâneo e tecido mamário residual após mastectomia; Daniela Gregolin Giannotti, et al; 2018 ³





XXVII Semana de Biomedicina "Inovação e Ciência"



ANÁLISE FRACTAL DA CROMATINA EM PESQUISAS DE RADIOBIOLOGIA DE CÉLULAS-TRONCO MESENQUIMAIS

¹Fernando Silveira Rocha, ²Isa Cordeiro da Silva, ³Wyndly Daniel Cardoso Gaião,
⁴Mariana Brayner Cavalcanti Freire Bezerra, ⁵Cláudio Gabriel Rodrigues, ⁶Thiago de
Salazar e Fernandes, ⁷Paloma Lys de Medeiros.

¹Universidade Federal de Pernambuco, Centro de Biociências¹
(fernandomedrocha@gmail.com)

²Universidade Federal de Pernambuco, Centro de Biociências²
(isa.cordeiros@ufpe.br)

³Universidade Federal de Pernambuco, Centro de Biociências³
(wyndly@hotmail.com)

⁴Universidade Federal de Pernambuco, Centro de Tecnologia e Geociências⁴
(mariana.bcavalcanti@ufpe.br)

⁵Universidade Federal de Pernambuco, Departamento de Biofísica e
Radiobiologia⁵(claudio.rodrigues@ufpe.br)

⁶Universidade Federal de Pernambuco, Departamento de Biofísica e
Radiobiologia⁶(thiago.fernandes@ufpe.br)

⁷Universidade Federal de Pernambuco, Departamento de Histologia e
Embriologia⁷(paloma.medeiros@ufpe.br)

Introdução: A análise da textura do núcleo das células por meio do cálculo da dimensão fractal (DF) vem sendo utilizada como ferramenta diagnóstica de cânceres, bem como para avaliar os efeitos biológicos das radiações e de outros agentes ^(1, 2). Esse método se baseia na informação de que a cromatina possui dimensão não inteira ou fractal, com características de autossimilaridade e invariância de escala ^(1, 3, 4). Quando expostas a agentes agressores, as células podem apresentar graus distintos de condensação da cromatina, indicativo de que foi alterada. Em se tratando de radiobiologia, atualmente, o interesse crescente é pelos danos às células-tronco, dada a aplicação desse tipo celular em medicina regenerativa, e por servirem de modelo de efeitos ao tecido jovem. **Objetivo:** Utilizar o cálculo da dimensão fractal do núcleo das células-tronco mesenquimais humanas (CTMH) como método para avaliar o dano radioinduzido à cromatina. **Métodos:** Essa pesquisa foi aprovada pelo Comitê de Ética e Pesquisa em Seres Humanos – CCS/UFPE (parecer: 2.259.272). As células foram coletadas de cordão umbilical humano e cultivadas no Laboratório de Biofísica das Membranas e Células-tronco Prof. Oleg Krasilnikov (UFPE). As CTMH foram irradiadas *in vitro* utilizando uma fonte de cobalto-60 com a dose de 3 Gy (taxa de dose de 2,657 kGy/h) (DEN/UFPE). Foram utilizadas 40 células, divididas entre os dois grupos de CTMH analisados: o grupo não irradiado (NR) e o grupo irradiado (IR); obtendo-se imagens em dois tempos de cultura: Dia 1 e Dia 3 após a irradiação. As imagens foram processadas por meio do software ImageJ (NIH, EUA), utilizando o plugin Fraclac. Foi realizado teste estatístico das médias. **Resultados:** No Dia 1, a média do grupo NR foi $1,76 \pm 0,02$ e no Dia 3 foi $1,73 \pm 0,08$. Já o grupo IR, no Dia 1 obteve média $1,76 \pm 0,02$ e no Dia 3 média $1,76 \pm 0,04$. Os valores de DF do núcleo



de CTMH irradiadas não modificam com relação às do grupo NR, ou seja, o dano radioinduzido não foi detectado por este método morfométrico, considerando os tempos avaliados. **Conclusão:** O cálculo da dimensão fractal não é um bom método para detecção de alterações na cromatina das CTMH nas primeiras 72 horas após irradiação.

Palavras-chave: Dimensão fractal; Cromatina; Células-tronco mesenquimais; Dimensão; Radiobiologia.

Referências:

1. METZE, Konradin; ADAM, Randall; FLORINDO, João Batista. 2019. The fractal dimension of chromatin - a potential molecular marker for carcinogenesis, tumor progression and prognosis. **Expert Review Of Molecular Diagnostics**, v. 19, n. 4, p. 299-312.
2. YI, Ji et al. 2015. Fractal Characterization of Chromatin Decompaction in Live Cells. **Biophysical Journal**, v. 109, n. 11, p. 2218-2226.
3. LENNON, Frances E. et al. 2015. Lung cancer—a fractal viewpoint. **Nature Reviews Clinical Oncology**, v. 12, n. 11, p. 664-675.
4. XAVIER, Amanda lumatti Santos Firmo et al. 2018. Fractal analysis of chromatin as a potential indicator of human exposures to ionizing radiation. *Scientia Plena*, v. 14, n. 2.



XXVII Semana de Biomedicina

"Inovação e Ciência"



ANÁLISE FRACTAL PARA AVALIAÇÃO DA DIFERENCIAÇÃO ADIPOGÊNICA DE CÉLULAS-TRONCO MESENQUIMAIS IRRADIADAS

¹Isa Cordeiro da Silva, ²Mariana Brayner Cavalcanti Freire Bezerra, ³Thiago de Salazar e Fernandes, ⁴Cláudio Gabriel Rodrigues, ⁵Paloma Lys de Medeiros, ⁶José Araújo dos Santos Júnior, ⁷Wyndly Daniel Cardoso Gaião, ⁸Ariane Silva Vital de Souza

¹Departamento de Energia Nuclear – CTG/UFPE¹ (isa.cordeiros@ufpe.br)

²Departamento de Energia Nuclear – CTG/UFPE² (mariana.bcavalcanti@ufpe.br)

³Departamento de Biofísica e Radiobiologia – CCS/UFPE³
(thiago.fernandes@ufpe.br)

⁴Departamento de Biofísica e Radiobiologia – CCS/UFPE⁴
(claudio.rodrigues@ufpe.br)

⁵Departamento de Histologia e Embriologia – CB/UFPE⁵
(paloma.medeiros@ufpe.br)

⁶Departamento de Energia Nuclear – CTG/UFPE⁶ (jose.asantosjr2@ufpe.br)

⁷Departamento de Biofísica e Radiobiologia – CCS/UFPE⁷ (wyndly@hotmail.com)

⁸Departamento de Energia Nuclear – CTG/UFPE⁸ (ariane.souza@ufpe.br)

Introdução: A geometria fractal tem a capacidade de descrever a forma irregular ou fragmentada de objetos considerados complexos, portanto, pode ser uma ferramenta útil para análise computadorizada de imagens médicas. Neste contexto, a análise fractal vem sendo aplicada na caracterização de células de diferentes tecidos humanos, inclusive as células-tronco mesenquimais (CTMs). **Objetivos:** Utilizar a análise fractal para avaliar *in vitro* a diferenciação adipogênica das células-tronco mesenquimais irradiadas. **Métodos:** Essa pesquisa tem aprovação do Comitê de Ética e Pesquisa em Seres Humanos – CCS/UFPE (2.259.272). As CTMs foram obtidas do cordão umbilical, sendo cultivadas em meio DMEM baixa glicose, suplementado com soro fetal bovino, fator de crescimento e antibióticos e mantidas na estufa a 37 °C, 80% umidade e 5% CO₂ por 21 dias. Após este tempo, as CTMs foram separadas em dois grupos de estudo: o NR (não irradiado) e o IR (irradiado). O grupo IR foi irradiado, *in vitro*, com dose de 3 Gy a partir de uma fonte de cobalto-60 (Gammacell 2020 Excel) com taxa de dose de 2,657 kGy/h. Nos grupos NR e IR



foi induzido o processo de diferenciação adipogênica durante 21 dias, quando foram capturadas 20 fotomicrografias das células, sendo 10 do grupo NR e 10 do grupo IR. As imagens foram processadas e o contorno da membrana celular foi definido por meio do software de imagem GIMP e a análise fractal foi realizada por meio do software ImageJ (NIH, EUA) com adição do puglin FracLac, que possibilita o cálculo da dimensão fractal. A análise estatística foi realizada pelo teste das médias com representação para o teste normal, assumindo dois grupos independentes com confiança de 95%. **Resultados:** A média da dimensão fractal das células do grupo NR foi de $1,14 \pm 0,05$ (mediana 1,13) e a do grupo IR foi de $1,12 \pm 0,02$ (mediana 1,12). Não foi observada diferença significativa dos dados de dimensão fractal entre os grupos, mas observou-se uma maior dispersão dos dados no grupo NR em relação ao grupo IR. É provável que haja uma relação com a alteração da estrutura do citoesqueleto celular após a irradiação, com a desorganização da rede de actina e a irregularidade dos componentes internos celulares^(1, 2, 3). **Conclusões:** A análise fractal mostrou-se ser um método computacional eficaz para caracterizar as CTMs após a irradiação e diferenciação celular.

Palavras-chave: Fractal, Dimensão fractal, Diferenciação adipogênica, Células-tronco mesenquimais, Radiação ionizante.

Referências:

1. Somosy, Z. (2000). Radiation response of cell organelles. *Micron*, 31(2), 165-181.
2. Sabanero, M., Azorín-Vega, J. C., Flores-Villavicencio, L. L., Castruita-Dominguez, J. P., Vallejo, M. A., Barbosa-Sabanero, G., & Sosa-Aquino, M. (2016). Mammalian cells exposed to ionizing radiation: Structural and biochemical aspects. *Applied Radiation and Isotopes*, 108, 12-15.
3. Bauer, W., & Mackenzie, C. D. (1995). Cancer detection via determination of fractal cell dimension. *arXiv preprint patt-sol/9506003*.





XXVII Semana de Biomedicina "Inovação e Ciência"



ANÁLISE *IN SILICO* DO POTENCIAL DE AGREGAÇÃO DE RESÍDUOS DA TDP 43 HUMANA

Lucas Aleixo Leal Pedroza, Francisco Agenor de Oliveira Neto, Antonio Marinho da Silva Neto, Carlos Henrique Madeiros Castelletti, Priscila Gubert.

¹Universidade Federal de Pernambuco¹ (lucas.aleixoleal17@gmail.com)

² Universidade Federal de Pernambuco ² (agenorneto@gmail.com)

³Instituto Aggeu Magalhães – Fiocruz PE ³(amarinho@prospecmol.org)

⁴Laboratório de Imunopatologia Keizo Asami ⁴(hcastelletti@prospecmol.org)

⁵ Universidade Federal de Pernambuco ⁵(prikaugubert@gmail.com)

Introdução: A TDP-43 (Target DNA protein) é uma proteína de 414 aminoácidos contendo 2 domínios de ligação ao RNA (RRM1 e RRM2), que vão do aminoácido 101 ao 265, uma região N-terminal (resíduo 1 ao 100) e uma região rica em Glicina (266 - 414), que em condições fisiológicas possui papel fundamental no metabolismo de RNAs e formação e manutenção dos grânulos de estresse. Entretanto, em condições patológicas, ainda pouco compreendidas, esta proteína pode formar agregados citotóxicos em células neuronais, causando danos mitocondriais, no proteossoma, e levando à neurodegeneração. Estes fatores tornam este quadro de proteinopatia a marca histopatológica de doenças como esclerose lateral amiotrófica (ELA) e demência fronto-temporal (DFT) [1]. **Objetivos:** Analisar o potencial de agregação dos resíduos da TDP-43 a partir de ferramentas computacionais. **Metodologia:** A estrutura tridimensional da TDP-43 foi obtida no banco de dados do AlphaFold protein structure database [2] com código AF-Q13148-F1-model_v1. A análise do potencial de agregação foi avaliado pelo Aggrescan3D 2.0, que permite analisar o potencial de agregação de aminoácidos a partir de uma estrutura conformacional proteica [3] **Resultados:** O domínio rico em glicina (266 – 414) apresentou mais resíduos com alto potencial de formar agregados (50 aminoácidos) com índice acima de 0.000 (valores positivos), enquanto os demais domínios somados apresentaram apenas 12 aminoácidos com este potencial, sendo 7 destes referentes ao NTD (score máximo de 1.1713 em V94) e 5 nos RRM (score máximo de 1.0120 em I249) de acordo com o score de pontuação do Aggrescan3D. Dentre aqueles que mais pontuaram tem-se a fenilalanina 316 (2.1992) e a isoleucina 383 (2.0641). De acordo com dados da literatura, a região rica em glicina está diretamente relacionada com a interação da TDP-43 com demais estruturas citoplasmáticas, inclusive com a formação de agregados, especialmente nas regiões de grânulos de estresse, fator esse que provavelmente ocorre em função da alta flexibilidade que a glicina confere ao domínio. Apesar da ausência de dados, é esperado que os RRM demonstrem scores menores, visto o seu papel no metabolismo de RNAs. **Conclusão:** Nota-se então que a região rica em glicina da TDP-43 apresenta mais resíduos com potencial de formar agregados citotóxicos, quando comparados aos demais domínios, tornando esta região, um possível alvo farmacológico para a inibição do avanço da proteinopatia. Ademais, novos estudos estão sendo realizados pelo grupo, a fim de compreender melhor as implicações da flexibilidade do domínio rico em glicina no potencial de agregação dos resíduos adjacentes.

Palavras-chave: TDP-43; Agregação; Esclerose Lateral Amiotrófica.

Referências:

- [1] Gao J, Wang L, Huntley ML, Perry G, Wang X. Pathomechanisms of TDP-43 in neurodegeneration. *J Neurochem.* 2018 Feb 27;10.1111/jnc.14327. doi: 10.1111/jnc.14327. Epub ahead of print. PMID: 29486049; PMCID: PMC6110993.
- [2] Jumper, J., Evans, R., Pritzel, A. *et al.* Highly accurate protein structure prediction with AlphaFold. *Nature* **596**, 583–589 (2021). <https://doi.org/10.1038/s41586-021-03819-2>
- [3] Conchillo-Solé, O., de Groot, N.S., Avilés, F.X. *et al.* AGGRESCAN: a server for the prediction and evaluation of "hot spots" of aggregation in polypeptides. *BMC Bioinformatics* **8**, 65 (2007). <https://doi.org/10.1186/1471-2105-8-65>





XXVII Semana de Biomedicina "Inovação e Ciência"



CITOGENÉTICA HUMANA – UMA VISÃO FRACTAL

Fernando Silveira Rocha¹, Saulo Brivaldo Mendonça da Silva², Vitória Maria de Araujo Oliveira³, Emyliana Cristine da Paz de Santana⁴, Thiago de Salazar e Fernandes⁵

¹Discente de Biomedicina, Universidade Federal de Pernambuco - UFPE
(fernandomedrocha@gmail.com)

²Discente de Biomedicina, Universidade Federal de Pernambuco - UFPE
(saulo.brivaldo@ufpe.br)

³Discente de Biomedicina, Universidade Federal de Pernambuco - UFPE
(vitoria.araujooliveira@ufpe.br)

⁴Discente de Biomedicina, Universidade Federal de Pernambuco - UFPE
(emyliana.cristine@ufpe.br)

⁵Departamento de Biofísica e Radiobiologia, Universidade Federal de Pernambuco - UFPE
(thiago.fernandes@ufpe.br)

Introdução: Atualmente, existe um esforço crescente da comunidade científica em compreender a organização e funcionamento do genoma (i.e., nucleoma), com base no pressuposto de que a sua forma está relacionada às suas funções, e não com base apenas no sequenciamento linear do DNA⁽²⁾. Um método atual e promissor é a geometria fractal, conceito do matemático francês Benoît Mandelbrot na década de 1970, que estuda as propriedades e comportamentos de objetos complexos que não seguem uma geometria euclidiana. Formas irregulares não euclidianas foram chamadas de “fractais”, por parecerem com estruturas “fraturadas”, com repetibilidade de padrões de forma, inclusive em diferentes escalas. Os fractais ocorrem por toda a natureza, desde ramificações das árvores à rede vascular e pulmonar, e têm sido aplicados em diferentes campos da biologia, a exemplo da mais recente elucidação da estrutura do glóbulo fractal da cromatina e dos territórios cromossômicos⁽³⁾. **Objetivos:** Este resumo tem como objetivo discutir a possibilidade da utilização da dimensão fractal (DF) como método de investigação do dano à cromatina. **Métodos:** As buscas foram realizadas nas bases de dados do Google Acadêmico e do PubMed. Os artigos científicos foram encontrados por meio dos descritores: “fractal dimension”, “fractal analysis” e “fractal analysis and genetics”. Foram encontrados um total de 266 artigos que usaram a análise fractal, dos quais foram selecionados 4 artigos mais relacionados ao tema. **Resultados:** Observa-se que o uso dos métodos fractais na citogenética se mostrou capaz de distinguir, por exemplo, mudanças da cromatina quando as células foram irradiadas, evidenciando que danos induzidos radioinduzidos ao DNA já podem ser observados na cromatina interfásica. É possível que mutações radioinduzidas alterem a complexidade topológica física global da cromatina, e isso pode ser mensurável por ferramentas computacionais, como a dimensão fractal. O método também mostra ser de grande aplicabilidade para o diagnóstico e prognóstico de diversos tipos de câncer⁽³⁾. **Conclusões:** A análise fractal da cromatina indica ser um promissor biomarcador morfométrico de exposições humanas às radiações ionizantes, radiações não-ionizantes e para o diagnóstico e prognóstico de diversos tipos de câncer, pois se baseia na análise da textura cromatina, como um sinal geral de que houve alterações estruturais na



organização fractal do genoma humano. Este método pode vir a ser útil em triagens de pacientes ou de indivíduos expostos às radiações, bem como poderá melhor elucidar o processo de organização da cromatina.

Palavras-chave: Dimensão fractal, organização da cromatina, citogenética humana, biomarcador, método morfométrico.

Referências:

1. JOHN, Ann M. et al.; The utility of fractal analysis in clinical neuroscience; **Reviews in the Neurosciences**, v. 26, n. 6, p. 633-645, 2015.
2. LOSA, G. 2014; The Fractal Geometry of Life; **Rivista di Biologia / Biology Forum**, v. 102, p. 29-60, 2009.
3. XAVIER, Amanda Iumatti Santos Firmo et al.; Fractal analysis of chromatin as a potential indicator of human exposures to ionizing radiation; **Scientia Plena**, v. 14, n. 2, 2018.
4. YI, Ji et al.; Fractal characterization of chromatin decompaction in live cells; **Biophysical journal**, v. 109, n. 11, p. 2218-2226, 2015.





XXVII Semana de Biomedicina "Inovação e Ciência"



RADIÔMICA FRACTAL NO DIAGNÓSTICO E PROGNÓSTICO DE CÂNCER

João Marcos Oliveira de Souza Silva¹, Camila Maria Sampaio Ferreira Avelino², Thiago de Salazar e Fernandes³

¹Universidade Federal de Pernambuco, Centro de Biociências¹
(joao.marcosoliveira@ufpe.br)

²Universidade Federal de Pernambuco, Centro de Biociências¹
(camila.mariasampaio@ufpe.br)

³Universidade Federal de Pernambuco, Departamento de Biofísica e Radiobiologia³
(thiago.fernandes@ufpe.br)

Introdução: A imagiologia aplicada ao diagnóstico de câncer é um campo crescente de pesquisas, envolvendo ferramentas de inteligência artificial conhecido por radiômica (1). Apesar dos avanços recentes, o diagnóstico e tratamento de alguns tipos de tumores, como pulmonar e retal, permanecem um desafio. Pesquisas mostram que a sobrevivência de pacientes com câncer de pulmão é baixa, considerando que a maioria dos casos é diagnosticado em estágio avançado. Portanto, a interpretação correta de imagens é fundamental na detecção precoce, promovendo um tratamento mais eficaz (2, 3, 4). A extração de características de textura dos tecidos por meio do cálculo da dimensão fractal é um método promissor. Estruturas irregulares como a de tumores não possuem dimensões inteiras, e sim dimensões fracionárias; a medida destas dimensões podem permitir a identificação do tipo de tumor, prever resposta a tratamentos, e influenciar diretamente no prognóstico (5). **Objetivos:** Discutir o conceito de radiômica fractal, fornecer atualização sobre o seu avanço e a sua aplicabilidade na oncologia, identificar as novas possibilidades e ratificar os seus benefícios para um diagnóstico precoce e melhor prognóstico. **Métodos:** Para a busca de artigos científicos, foram empregados os descritores: "radiomics", "fractal dimension", e "cancer"; na base de dados Biblioteca Virtual em Saúde (BVS), no período de agosto a setembro de 2021. Foram encontrados 5 artigos publicados sobre os seguintes tipos de tumores: pulmonar, retal, de cabeça e pescoço. Das 5 publicações avaliadas, 4 foram incluídas por atenderem aos critérios subsequentes: publicação nos últimos 5 anos, texto completo em inglês, idade de 18 anos ou mais e utilização de análise de textura. **Resultados:** A pesquisa BVS rendeu 4 estudos, cujas modalidades de imagem utilizadas foram: modelo radiômico, fractal, ressonância magnética e TC. Todos os estudos incluíram análise textural e estimaram a dimensão fractal; a maioria (3 de 4) também avaliou características quantitativas e morfológicas. Nota-se que o uso da Dimensão Fractal (DF) para a análise de texturas e identificação de câncer de pulmão e retal apresentou bom desempenho. Este método, quando utilizado em combinação ao método de área sob a curva (AUC), apresenta a capacidade de prever a resposta patológica completa (pCR), fornecendo características quantitativas associadas a metástases à distância, metástases nodais e histopatologia.



Conclusões: A dimensão fractal é um método importante em radiômica, que poderá ter um grande papel no futuro do diagnóstico por imagem na avaliação de doenças cancerígenas e no direcionamento do tratamento alvo para cada tipo de câncer.

Palavras-chave: Imaginologia; inteligência artificial; radiômica; fractal; câncer.

Referências:

1. MAYERHOEFER, M. E. et al. Introduction to Radiomics. **Journal of Nuclear Medicine: Official Publication, Society of Nuclear Medicine**, v. 61, n. 4, p. 488–495, abr. 2020. DOI 10.2967/jnumed.118.222893. Disponível em: <https://doi.org/10.2967/jnumed.118.222893>. Acesso em: 15 jul. 2021.
2. ALAHMARI, S. S. et al. Delta Radiomics Improves Pulmonary Nodule Malignancy Prediction in Lung Cancer Screening. **IEEE access: practical innovations, open solutions**, v. 6, p. 77796–77806, 2018. DOI 10.1109/ACCESS.2018.2884126. Disponível em: <https://doi.org/10.1109/ACCESS.2018.2884126>. Acesso em: 25 ago. 2021.
3. LEE, L. H. et al. Digital differentiation of non-small cell carcinomas of the lung by the fractal dimension of their epithelial architecture. **Micron**, v. 67, p. 125–131, 1 dez. 2014. DOI 10.1016/j.micron.2014.07.005. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.micron.2014.07.005>. Acesso em: 10 ago. 2021.
4. PARMAR, C. et al. Radiomic feature clusters and prognostic signatures specific for Lung and Head & Neck cancer. **Scientific Reports**, v. 5, p. 11044, 5 jun. 2015. DOI 10.1038/srep11044. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/srep11044>. Acesso em: 15 jul. 2021.
5. KHAWAJA, A. et al. Do we need to see to believe?-radiomics for lung nodule classification and lung cancer risk stratification. **Journal of Thoracic Disease**, v. 12, n. 6, p. 3303–3316, jun. 2020. DOI 10.21037/jtd.2020.03.105. Disponível em: <https://doi.org/10.21037/jtd.2020.03.105>. Acesso em: 25 ago. 2021.





XXVII Semana de Biomedicina "Inovação e Ciência"



TOMOGRAFIA COMPUTADORIZADA COMO MÉTODO DE DIAGNÓSTICO ALTERNATIVO PARA A COVID-19: UMA REVISÃO DE LITERATURA

Dryelli Frances Santana da Silva¹, Caio Victor Barros Gonçalves da Silva², Laura Lucena Serafim³, Manuella Amlid Pimenta de Castro Cavalcanti Silva⁴, Ryan Cristian da Silva⁵, Celina Cavalcante Muniz Gomes⁶

¹Graduanda em Biomedicina na Universidade Federal de Pernambuco¹
(dryelli.silva@ufpe.br)

²Graduanda em Farmácia na Universidade Federal de Pernambuco²
(caio.victors@ufpe.br)

³Graduanda em Biomedicina na Universidade Federal de Pernambuco³
(laura.serafim@ufpe.br)

⁴Graduando em Biomedicina na Universidade Federal de Pernambuco⁴
(manuella.pimenta@ufpe.br)

⁵ Graduando em Biomedicina na Universidade Federal de Pernambuco⁵
(ryan.cristian@ufpe.br)

⁶Universidade Federal de Pernambuco⁶
(celina.gomes@ufpe.br)

Introdução: O Sars-Cov- 2 é um vírus de RNA que pode causar pneumonia grave. Seu diagnóstico é feito com o uso da RT-PCR, contudo sua sensibilidade é baixa para detecção inicial do COVID-19 ⁽¹⁾. Além disso, as pesquisas das características dimensionais específicas para pneumonia do COVID-19 em paralelo com outras doenças pulmonares agudas são pouco entendidas, sendo um dos desafios o diagnóstico diferencial ⁽³⁾. ⁽²⁾. Para analisar as imagens geradas pela TC usa-se radiômica visto que o olho humano não possui habilidades para observações detalhadas a esse nível. **Objetivos:** Realizar uma revisão bibliográfica sobre métodos alternativos para o diagnóstico da COVID-19, com ênfase na Tomografia Computadorizada. **Métodos:** A revisão sistemática da literatura foi executada no período entre agosto e setembro de 2021 empregando as palavras-chaves: "COVID-19", "computed tomography" e "radiomic". Utilizou-se os bancos de dados online SciELO (Scientific Electronic Library Online) e PubMed (US National Library of Medicine e National Institutes Health). Artigos publicados nos últimos 5 anos, escritos em inglês ou português e artigos originais foram os critérios de inclusão.



Resultados: Utilizando 45 recursos de radiômica com um coeficiente de regressão não-zero, obteve-se uma curva ROC na qual a AUC foi de 0,882 (IC95%: 0,851-0,913)⁽¹⁾. Assumindo uma prevalência de doenças de 15%. Utilizando um limiar de 0,11 (baseado no índice Youden), considerando os falsos negativos duas vezes mais alto que os falsos positivos⁽¹⁾. Obtém-se precisão de 85,18%, sensibilidade de 69,52%, especificidade de 91,63%, NPV de 94,46% e PPV de 59,44% para classificação COVID-19⁽¹⁾. **Conclusão:** Os atuais estudos mostram que máquinas baseadas em radiômica apresentaram capacidade de diferenciar GGOs de início da pneumonia por COVID-19 daqueles de outras doenças. Assim, fornece um diagnóstico rápido e preciso para pacientes infectados por COVID-19.

Palavras-chave: COVID-19; computed tomography, radiomic.

Referências:

1. GUIOT, J., et al. **Development and Validation of an Automated Radiomic CT Signature for Detecting COVID-19.** *Diagnostics (Basel)*, v. 11, n. 1, e. 41, 2020.
2. PIZZI, D. A., et al. **Radiomics-based machine learning differentiates "ground-glass" opacities due to COVID-19 from acute non-COVID-19 lung disease.** *Scientific Reports*, v. 11, n.17237, 2021.
3. WANG, H., et al. **Decoding COVID-19 pneumonia: comparison of deep learning and radiomics CT image signatures.** *European Journal of Nuclear Medicine Molecular Imaging*, v. 48, n. 5, p. 1478-1486, 2021.





XXVII Semana de Biomedicina



"Inovação e Ciência"

ANÁLISE COMPARATIVA DA EFICÁCIA DAS VACINAS CONTRA O SARS-COV2 UTILIZADAS NO BRASIL: UMA REVISÃO INTEGRATIVA

Abigail Miranda-Magalhães¹; Hévellin Talita Sousa Lins²; Tayonara dos Santos Melo³; Tuarne dos Santos Melo⁴; Augyna Pamyda Gomes da Silva⁵; Maria Amélia Paiva Ferruccio⁶; Maria da Paz Rodrigues Silva⁷

¹Centro Universitário FBV Wyden¹ (abimiranda00@gmail.com)

²Centro Universitário FBV Wyden² (hevellyn.talita@gmail.com)

³Universidade Federal de Pernambuco³ (tayonaramelo@gmail.com)

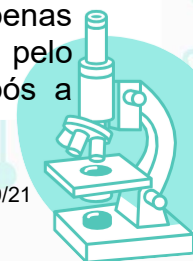
⁴Instituto Aggeu Magalhães-FIOCRUZ⁴ (tuarne_melo17@gmail.com)

⁵Universidade Federal de Pernambuco⁵ (augyna@gmail.com)

⁶Universidade Federal de Pernambuco⁶ (miaferruccio@gmail.com)

⁷Universidade Federal Rural de Pernambuco⁷ (ardapaz@gmail.com)

Introdução: No final do ano de 2019 a cidade Wuhan, na China, foi dominada pelo novo coronavírus, uma doença que provoca diversos danos respiratórios, e por isso foi denominada como Síndrome Respiratória Aguda Grave Coronavírus-2 (SARS-CoV-2)¹. A transmissão deste vírus ocorre de forma extremamente rápida através do contato direto de pessoa para pessoa, e afeta, principalmente, o sistema respiratório¹. Em pouco tempo o número de casos novos e de óbito se alastrou por todo o mundo tornando a SARS-CoV-2 uma emergência de saúde pública de interesse internacional e por isso rapidamente foi declarada pela Organização Mundial de Saúde como uma pandemia, sendo também nomeada de Doença do Coronavírus 19 (COVID-19)². Diante deste cenário, tornou-se crucial a necessidade do desenvolvimento e aplicação de vacinas eficazes contra a COVID-19. Atualmente no Brasil, estão sendo aplicadas seis tipos de vacinas: Astrazeneca, Pfizer, Janssen, Coronavac, Sputnik V e Covaxin³. **Objetivo:** Este trabalho visou realizar uma análise comparativa da eficácia das seis vacinas aceitas e aplicadas, até o momento, no Brasil. **Métodos:** Trata-se de uma revisão de literatura integrativa. Os artigos selecionados foram publicados entre janeiro de 2016 a agosto de 2021 nas seguintes bases de dados: PubMed, NCBI, Science Direct e SciELO. Para realizar o levantamento de dados foram utilizados como descritores “COVID-19 and Vaccines and Brazil” e “Vaccines and Efficiency and Brazil”. **Resultados:** A vacina Astrazeneca foi criada pelo laboratório AstraZeneca/Oxford e, atualmente, apresenta a eficácia geral de 70.42% após a segunda dose. A vacina Pfizer foi desenvolvida pelo laboratório Pfizer/BioNTech e, até o momento, apresenta a eficácia de 95% após a segunda dose. A vacina Janssen foi criada pela indústria farmacêutica Janssen da Johnson & Johnson e, atualmente, apresenta a eficácia geral de 66.1% e apenas esta, no Brasil, é de aplicação única. A vacina Coronavac foi desenvolvida pelo laboratório SinoVac e, até o momento, apresenta a eficácia de 50.38% após a



segunda dose. A vacina Sputnik V foi criada pelo Instituto Gamaleya, e atualmente, apresenta a eficácia de 91.6% após a segunda dose. Por fim, a vacina Covaxin que foi desenvolvida pelo laboratório Bharat Biotech e, atualmente, apresenta a eficácia de 78.2% após a segunda dose^{4,5}. **Conclusão:** Entretanto apesar da alta eficácia de todas as vacinas apresentadas ainda não é possível saber se estas induzirão memória imunológica duradoura. Portanto mais estudos são necessários para melhor compreender o efeito da vacinação contra COVID-19 a longo prazo.

Palavras-chave: COVID-19; Imunização; Pandemia.

Referências

- [1] Yuki K., Fujjogi M., Koutsogiannaki S. COVID-19 Pathophysiology: A review. **Clinical Immunology**, v. 2015, 2020;
- [2] Lipsitch M., Dean E.N. Understanding COVID-19 Vaccine Efficacy. **Science**, v.370, n.6518, p.763-65, 2020;
- [3] Domingues C.M.A.S. Challenges for Implementation of the COVID-19 Vaccination Campaign in Brazil. **Cad. Saúde Pública**, v.37, n.1, 2021;
- [4] Boschiero M.N., Palamim C.V.C., Marson F.A.L. The hindrances to perform the COVID-19 vaccination in Brazil. **Human Vaccines & Immunotherapeutics**, 2021;
- [5] Peiffer-Smadja N., Rozenchwajg S., Kherabi Y., Yazdanpanah Y., Montravers P. COVID-19: A race against time. **Anaesth Crit Care Pain Med.**, v.40, n.2, 2021.



XXVII Semana de Biomedicina "Inovação e Ciência"



EFEITO DOS RAIOS ULTRAVIOLETA FRENTE AO LÚPUS ERITEMATOSO SISTÊMICO E CUTÂNEO: UMA BREVE REVISÃO

Abigail Miranda-Magalhães¹; Hévellin Talita Sousa Lins²; Tayonara dos Santos Melo³;
Tuanne dos Santos Melo⁴; Augyna Pamyda Gomes da Silva⁵; Maria Amélia Paiva
Ferruccio⁶; Maria da Paz Rodrigues Silva⁷

¹Centro Universitário FBV Wyden¹(abimiranda00@gmail.com)

²Centro Universitário FBV Wyden ²(hevellyn.talita@gmail.com)

³Universidade Federal de Pernambuco³(tayonaramelo@gmail.com)

⁴Instituto Aggeu Magalhães-FIOCRUZ⁴(tuanne_melo17@gmail.com)

⁵Universidade Federal de Pernambuco⁵(augyna@gmail.com)

⁶Universidade Federal de Pernambuco⁶ (miaferruccio@gmail.com)

⁷Universidade Federal Rural de Pernambuco⁷ (ardapaz@gmail.com)

Introdução: O Lúpus Eritematoso é uma doença autoimune mediada, principalmente, por autoanticorpos. Esta doença apresenta alta variabilidade sintomatológica, o que torna extremamente difícil o diagnóstico precoce. Além disso, também pode ser encontrado de formas diferentes de acordo com a localização do órgão afetado, tais como: 1) nos órgãos internos, irá desencadear o Lúpus Eritematoso Sistêmico (LES); e 2) no tecido epitelial, desencadeará o Lúpus Eritematoso Cutâneo (LEC)¹. O LES afeta, principalmente, os rins, pulmão, coração, cérebro e articulações, tendo sintomatologias distintas apresentada por dores articulares, dores abdominais, dificuldades para respirar, redução das funções renais, convulsões e, em casos raros, trombozes¹. O LEC afeta a pele e a maior característica entre os pacientes é a alta sensibilidade ao sol. Esta exposição pode provocar lesões, manchas avermelhadas ou até cicatrizes desfigurantes e profundas². **Objetivo:** Realizar um levantamento bibliográfico sobre a fotossensibilidade do Lúpus Eritematoso Sistêmico e do Lúpus Eritematoso Cutâneo frente aos raios ultravioleta (RUV). **Métodos:** Trata-se de uma revisão de literatura integrativa. Os artigos selecionados foram publicados entre janeiro de 2018 e agosto de 2021 através dos seguintes bancos de dados: PubMed, NCBI, Science Direct, EBSCO e SciELO. Para realizar o levantamento de dados foram utilizados como descritores "*Sistemic Lupus Erythematosus and Photosensitivity*" e "*Cutaneous Lupus Erythematosus and Photosensitivity*". **Resultados:** Os estudos demonstraram a relação entre a exposição solar em pacientes com lúpus eritematoso (LES e LEC) e o agravamento das diferentes sintomatologias, dentre estas: fadiga, artralgia, artrite, febre moderada ou intensa, alopecia, insuficiência renal, trombocitopenia, aumento na quantidade de lesões cutâneas e de cicatrizes desfigurantes, dentre outras³. Atualmente, sabe-se que o LEC acomete, aproximadamente, 70% dos pacientes que possuem LES aumentando a incidência no número de óbitos. Entretanto, também foi observado nesses estudos que a vitamina D, além de seu importante papel na homeostase do cálcio, apresenta efeitos imunomoduladores sobre as células do sistema imunológico, especialmente, frente aos linfócitos T e os autoanticorpos^{4,5}.

Conclusão: Os raios ultravioleta são capazes de provocar diversos danos em pacientes com LES e LEC. Diante disso, torna-se de extrema importância que os utilizem medidas fotoprotetoras, podendo ser através do uso de protetores solar, roupas com proteção à raios ultravioleta, chapéus, guarda sol e outras. Além disso, foi observado que a vitamina D pode ser bastante benéfica frente a pacientes autoimunes. Entretanto, mais estudos são necessários para elucidar as dúvidas sobre os riscos e benefícios da vitamina D nesses pacientes.

Palavras-chaves: Doenças autoimune; Fotoproteção; Lúpus Eritomatoso.

Referências

- [1] De Souza R.R., Marcon S.S., Teston E.F., Dos Reis P., Seguraço R.S.C., Silva E.S., Giacon-Arruda B.C.C., Aquiles G.J. Fatores Influentes da Qualidade de Vida em Pessoas com Lúpus Eritematoso Sistêmico. **Acta. Paul. Enferm.**, v. 34, 2021; [2] Alves F., Golçalo M. Lúpus Erythematosus: Cutaneous Manifestations and Treatment. **Revista SPDV.**, v.77, n.3, 2019;
- [3] Filho J.P.M., Peixoto R.L., Martins L.G., Melo S.D., Carvalho L.L., Pereira A.K.F.T., Freire E.A.M. Lupus Erythematosus: considerations about clinical, cutaneous and therapeutic aspects. **An. Bras. Dermatol.**, v. 89, n.1,2018; [4] Teixeira T.M., Costa C.L. The role vitamin D in systemic lupus erythematosus. **Rev. Nutri.**, v. 25, n.4, 2018
- [5] Da Silva D.C., Coutinho D.J.G., Barbosa J.K.C., Aguiar D.S. Effects of Vitamin D Supplementation for Systemic Lupus Erythematosus: A Literature Review. **Brazilian Journal of Development**, v. 6, n.9, 2020.





XXVII Semana de Biomedicina "Inovação e Ciência"



MECANISMO DE AÇÃO DAS VARIANTES DE PREOCUPAÇÃO DO SARS-COV-2 E PERFIL DE COBERTURA VACINAL NA PANDEMIA DE COVID-19

Marília Raphaella Cabral Fonseca de Lima, Guilherme Antonio de Souza Silva, Leonardo Carvalho de Oliveira Cruz, Georon Ferreira de Sousa, Bárbara Rafaela da Silva Barros, Rodrigo Cesar Abreu de Aquino, Cristiane Moutinho Lagos de Melo¹

¹Laboratório de Análises Imunológicas e Antitumorais - LAIA/UFPE

(mari.rcfl@gmail.com); (guilherme.assufpe@gmail.com);

(leocarvalhocruz3556@gmail.com); (georon.sousa@gmail.com);

(barbararsbarros@gmail.com); (rodrigo_c_abreu@hotmail.com);

(cristianemout@gmail.com)

Introdução: Variantes virais surgem quando os vírus sofrem mutações genéticas. Para o SARS-CoV-2, as principais variantes de preocupação são Alfa (B.1.1.7), Beta (B.1.351), Gama (P1) e Delta (B.1.617.2), descobertas no Reino Unido, África do Sul, Brasil e Índia, respectivamente. Elas apresentam mutações no gene codificador da proteína S, aumentando a afinidade do vírus pelo receptor ECA2 e diminuindo a ação de anticorpos neutralizantes.¹ **Objetivos:** Descrever o impacto epidemiológico das variantes do SARS-CoV-2 na pandemia de COVID-19 e sua cobertura vacinal. **Métodos:** Selecionamos artigos disponíveis na plataforma PubMed, sendo os critérios de inclusão artigos em inglês, publicados em 2021, com os descritores: COVID-19; Variantes de preocupação; Eficácia; Resposta imunológica; Vacinação. **Resultados/Discussão:** As principais mutações de cada variante são: Alfa — N501Y, P681H e D614G; Beta — K417N, E484K, N501Y e D614G; Gama — K417N, E484K, N501Y e D614G² e Delta — L452R, T478K e D614G³. As variantes Alfa e Gama exibiram maior elevação de virulência (55%). Gama, maior evasão imune. E Delta, maior aumento na transmissibilidade (113%). Foi relatado, também, diminuição da sensibilidade dos testes de RT-PCR⁴. Sobre as vacinas de RNAm, a Pfizer produziu eficientemente anticorpos neutralizantes contra as variantes Alfa e Gama, porém teve baixa eficácia contra Beta e Delta (88%). A Moderna apresentou eficácia de 99,2% contra a variante Alfa, e 96,4% contra Beta. Foi observada, ainda, uma diminuição na resposta de células T induzida por essas vacinas pelas variantes Alfa, Beta e Gama em relação ao genótipo selvagem.⁵ Sobre as vacinas de adenovírus, a Janssen apresentou menor eficácia contra as variantes Beta (64%) e Gama (61%) se comparada à variante Alfa (72%). A AstraZeneca apresentou eficácia de 74,6% contra Alfa, 67% contra a Delta e 10,4% contra Beta¹. A Sputnik V não mostrou redução significativa contra a variante Alfa, mas sim diminuição de 3 vezes na neutralização da variante Beta e 2,8 vezes da Gama³. Sobre as vacinas de vírus inativado, em relação aos anticorpos neutralizantes, a Sinopharm foi menos eficaz contra a variante Beta; a Covaxin foi eficaz contra a variante Alfa; e a CoronaVac foi mais eficaz contra a variante Gama¹. **Conclusão:** Todas as variantes demonstraram aumento na transmissibilidade, virulência e evasão imunológica, bem como diminuição da eficácia das vacinas e da resposta imunológica.

Palavras-chave: COVID-19; Variantes de preocupação; Eficácia; Resposta imunológica; e Vacinação.

Referências:

1. KHATEEB, J.; LI, Y.; ZHANG, H. Emerging SARS-CoV-2 variants of concern and potential intervention approaches. *Critical care (London, England)*, v. 25, n. 1, p. 244, 2021.
2. LONG, S. W. et al. Sequence analysis of 20,453 severe acute respiratory syndrome Coronavirus 2 genomes from the Houston metropolitan area identifies the emergence and widespread distribution of multiple isolates of all major variants of concern. *The American journal of pathology*, v. 191, n. 6, p. 983–992, 2021.
3. IKEGAME, S. et al. Neutralizing activity of Sputnik V vaccine sera against SARS-CoV-2 variants. *Nature communications*, v. 12, n. 1, p. 4598, 2021
4. OTTO, S. P. et al. The origins and potential future of SARS-CoV-2 variants of concern in the evolving COVID-19 pandemic. *Current biology: CB*, v. 31, n. 14, p. R918–R929, 2021.
5. GEERS, D. et al. SARS-CoV-2 variants of concern partially escape humoral but not T-cell responses in COVID-19 convalescent donors and vaccinees. *Science immunology*, v. 6, n. 59, p. eabj1750, 2021.





XXVII Semana de Biomedicina "Inovação e Ciência"



PERFIL DA RESPOSTA IMUNOLÓGICA, EFICÁCIA E EFEITOS COLATERAIS DAS VACINAS EM USO CONTRA A COVID-19 NO BRASIL

Marília Raphaella Cabral Fonseca de Lima, Guilherme Antonio de Souza Silva, Leonardo Carvalho de Oliveira Cruz, Georon Ferreira de Sousa, Bárbara Rafaela da Silva Barros, Rodrigo Cesar Abreu de Aquino, Cristiane Moutinho Lagos de Melo¹

¹Laboratório de Análises Imunológicas e Antitumorais - LAIA/UFPE

(mari.rcfl@gmail.com); (guilherme.assufpe@gmail.com);

(leocarvalhocruz3556@gmail.com); (georon.sousa@gmail.com);

(barbararsbarros@gmail.com); (rodrigo_c_abreu@hotmail.com);

(cristianemout@gmail.com)

Introdução: Com a pandemia da COVID-19, doença causada pelo vírus SARS-CoV-2¹, o desenvolvimento de uma vacina eficaz ocorreu em tempo recorde, exibindo bons resultados. As vacinas foram criadas com métodos variados, como: vetor viral recombinante, subunidade de proteína, vírus inativados e ácidos nucleicos. No Brasil, a vacinação foi iniciada em 17 de janeiro de 2021, com uso emergencial da CoronaVac e da AstraZeneca. **Objetivos:** Descrever o perfil da resposta imunológica, eficácia e efeitos colaterais das vacinas contra COVID-19 utilizadas no Brasil. **Métodos:** Foram selecionados artigos disponíveis na plataforma PubMed. Os critérios de inclusão foram artigos no idioma inglês, publicados nos anos de 2020-2021 com os seguintes descritores: Vacinação; COVID-19; Eficácia; Efeitos Colaterais; e Resposta Imunológica. **Resultados/Discussão:** A vacina de RNAm da Pfizer induziu elevados títulos de anticorpos neutralizantes para SARS-CoV-2 e resposta T CD4+/CD8+, com eficácia de 95% após a segunda dose, e os efeitos colaterais mais comuns foram fadiga e cefaléia². A AstraZeneca, vacina de adenovírus modificado, apresentou resposta imunológica humoral e celular, além de eficácia de 90% após a segunda dose, possuindo como efeitos adversos mais comuns mialgia, fadiga, cefaléia, dor no local da injeção e febre.³ A Janssen, vacina adenoviral (Ad26) de dose única, demonstrou produção de anticorpos neutralizantes, e resposta celular T CD4+/CD8+, apresentando eficácia variando de 67% a 85% de acordo com a gravidade do caso. Seus os principais efeitos adversos foram dor no local da injeção, cefaléia e fadiga.⁴ A Sputnik V, vacina adenoviral de imunização heteróloga (Ad26 primeira dose e Ad5 segunda dose), apresentou forte resposta humoral e de células T CD4+/CD8+, e eficácia de 91,4% após a segunda dose, sendo as principais reações adversas astenia, mialgia, artralgia, febre e cefaléia. A CoronaVac, vacina de vírus inteiro inativado, induziu a produção de anticorpos contra o SARS-CoV-2, além de uma resposta celular de linfócitos T produtores de IFN- γ , apresentou eficácia que variou entre 83,7% e 100% após a segunda dose, dependendo da gravidade, e a principal reação adversa foi a dor no local da aplicação.⁵ **Conclusões:** O perfil de resposta imunológica é, principalmente, produção de anticorpos neutralizantes e resposta T CD4+/CD8+. As eficácias das vacinas em uso no Brasil variam entre 66% - 91,4% após a imunização completa e o principal efeito colateral foi a cefaléia.

Palavras-chave: Vacinação; COVID-19; Eficácia; Efeitos Colaterais; e Resposta Imunológica

Referências:

1. DE SOUZA SILVA, G. A. et al. SARS-CoV, MERS-CoV and SARS-CoV-2 infections in pregnancy and fetal development. *Journal of gynecology obstetrics and human reproduction*, v. 49, n. 10, p. 101846, 2020.

2. Disponível em: <<https://investors.biontech.de/news-releases/news-release-details/pfizer-and-biontech-conclude-phase-3-study-covid-19-vaccine/>>. Acesso em: 3 sep. 2021.

3. VOYSEY, M. et al. Safety and efficacy of the ChAdOx1 nCoV-19 vaccine (AZD1222) against SARS-CoV-2: an interim analysis of four randomised controlled trials in Brazil, South Africa, and the UK. *Lancet*, v. 397, n. 10269, p. 99–111, 2021.zsx

4. SADOFF, J. et al. Safety and immunogenicity of the Ad26.COV2.S COVID-19 vaccine candidate: interim results of a phase 1/2a, double-blind, randomized, placebo-controlled trial. 2020. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1101/2020.09.23.20199604>>.

5. PALACIOS, R. et al. Efficacy and safety of a COVID-19 inactivated vaccine in healthcare professionals in Brazil: the PROFISCOV study, 2021.





XXVII Semana de Biomedicina "Inovação e Ciência"



PLATAFORMAS VACINAIS USADAS CONTRA O SARS-COV-2 NO BRASIL: DO CLÁSSICO AO CONTEMPORÂNEO

Leonardo Carvalho de Oliveira Cruz¹, Guilherme Antonio de Souza Silva², Maríllia Raphaella Cabral Fonseca de Lima³, Georon Ferreira de Sousa⁴, Bárbara Rafaela da Silva Barros⁵, Rodrigo Cesar Abreu de Aquino⁶, Cristiane Moutinho Lagos de Melo⁷.

Laboratório de Análises Imunológicas e Antitumorais, Departamento de Antibióticos (LAIA/UFPE)¹⁻⁷. leocarvalhocruz3556@gmail.com¹, guilherme.assufpe@gmail.com², mari.rcfl@gmail.com³, georon.sousa@gmail.com⁴, barbararsbarros@gmail.com⁵, rodrigo_c_abreu@hotmail.com⁶, cristianemout@gmail.com⁷.

Introdução: Em 2019, surge em Wuhan a Doença do Coronavírus 2019 (COVID-19), considerada, hoje, a causadora do surto mais grave de pneumonia do mundo.¹ A doença tem como agente etiológico um vírus altamente transmissível – SARS-CoV-2 – e já atingiu mais de duzentos países, causando mais de meio milhão de mortes apenas no Brasil. À vista disso, assistiu-se, em tempo recorde, o desenvolvimento, testagem e aprovação de, pelo menos, cinco vacinas que utilizam tecnologias diferentes e que, hoje, estão sendo aplicadas globalmente.² **Objetivos:** Descrever e diferenciar as cinco principais plataformas vacinais aprovadas pelos órgãos de saúde para uso mundial até o presente momento. **Métodos:** Foram selecionados artigos disponíveis na plataforma PubMed, obedecendo os seguintes critérios: redigidos em inglês, publicados entre 2020 e 2021 e com as seguintes palavras-chaves: vacinação; COVID-19; plataformas vacinais; e planos de vacinação. **Resultados/Discussão:** Dentre as plataformas vacinais empregadas, destacam-se as de vetor viral recombinante; subunidade; vírus inativado; e as baseadas em ácidos nucleicos. Obteve-se na pesquisa três vacinas de vetor viral – uma estratégia recente, onde os vírus têm virulência e potencial replicativo reduzido sem haver alteração na capacidade de infecção. São elas: AstraZeneca, cujo plano vacinal inclui duas doses com intervalo de doze semanas e que utiliza um adenovírus de chimpanzé (ChAdOX1) carregando DNA que expressará a proteína S do SARS-CoV-2; Janssen, cujo vetor é um adenovírus (Ad26) que expressa a proteína S viral e é administrada em dose única; Sputnik V que utiliza dois adenovírus diferentes – Ad26, produtor de proteína S para primeira dose, e Ad5, replicante para segunda – e é aplicada em duas doses com intervalo de 21 a 90 dias. Já as vacinas de vírus inativado carregam o antígeno morto, garantindo maior espectro de segurança, ainda que possam apresentar falhas na indução de resposta imune, fato que é contornado pela utilização de adjuvantes – como a CoronaVac, cujo adjuvante é o alumínio. Seu plano de vacinação é completo em duas doses num intervalo de 14 a 28 dias. Ademais, temos as vacinas de ácidos nucleicos, cujo princípio propõe a disponibilização de ácidos nucleicos para expressão de antígenos – tal tecnologia se destaca pela rápida produção e alta eficácia. Nesse grupo, evidencia-se a vacina da Pfizer, que carrega plataformas de RNA mensageiro encapsuladas em nanopartículas



lipídicas. Seu plano de vacinação inclui duas doses com três meses de intervalo.^{3,4}
Conclusão: Observa-se, então, cinco plataformas vacinais eficazes e que utilizam tecnologias das mais clássicas (CoronaVac) às mais recentes (ácidos nucleicos).

Palavras-chave: Vacinação; COVID-19; Plataformas vacinais; Planos de vacinação.

Referências:

1. DE SOUZA SILVA, G. A. et al. SARS-CoV, MERS-CoV and SARS-CoV-2 infections in pregnancy and fetal development. *Journal of gynecology obstetrics and human reproduction*, v. 49, n. 10, p. 101846, 2020.
2. Forni, G., & Mantovani, A. (2021). COVID-19 vaccines: where we stand and challenges ahead. *Cell Death & Differentiation*, 28(2), 626-639.
3. Tregoning, J. S., Brown, E. S., Cheeseman, H. M., Flight, K. E., Higham, S. L., Lemm, N. M., ... & Pollock, K. M. (2020). Vaccines for COVID-19. *Clinical & Experimental Immunology*, 202(2), 162-192.
4. Shin, M. D., Shukla, S., Chung, Y. H., Beiss, V., Chan, S. K., Ortega-Rivera, O. A., ... & Steinmetz, N. F. (2020). COVID-19 vaccine development and a potential nanomaterial path forward. *Nature nanotechnology*, 15(8), 646-655.





XXVII Semana de Biomedicina "Inovação e Ciência"



SÍNDROME PÓS-COVID-19: O QUE SABEMOS ATÉ AGORA?

Leonardo Carvalho de Oliveira Cruz¹, Guilherme Antonio de Souza Silva², Maríllia Raphaella Cabral Fonseca de Lima³, Georon Ferreira de Sousa⁴, Bárbara Rafaela da Silva Barros⁵, Rodrigo Cesar Abreu de Aquino⁶, Cristiane Moutinho Lagos de Melo⁷.

Laboratório de Análises Imunológicas e Antitumorais, Departamento de Antibióticos (LAIA/UFPE)¹⁻⁷. leocarvalhocruz3556@gmail.com¹, guilherme.assufpe@gmail.com², mari.rcfl@gmail.com³, georon.sousa@gmail.com⁴, barbararsbarros@gmail.com⁵, rodrigo_c_abreu@hotmail.com⁶, cristianemout@gmail.com⁷.

Introdução: Em dezembro de 2019, a China registrava os primeiros casos de um vírus respiratório, até então desconhecido, que viria a ser o responsável pela maior crise sanitária do século XXI.¹ Nesse contexto, passado um ano de pandemia, detecta-se que, cada vez mais, a doença do Coronavírus 19 ainda oferece desafios. Esse cenário complexo deve-se ao fato de que, embora muitos estudos e esforços tenham sido destinados à investigação de novas intervenções clínicas e novos tratamentos para fase aguda, notou-se que mesmo aqueles pacientes curados da doença tendiam a apresentar um conjunto de sintomas persistentes. Esse novo conjunto de quadros e sintomas clínicos foi chamado, então, de síndrome pós-COVID ou COVID longa.² **Objetivos:** Introduzir e discutir os principais tópicos que tangem à síndrome pós-COVID, trazendo os principais sintomas observados e suas possíveis causas. **Métodos:** Foram selecionados artigos disponíveis na plataforma PubMed atendendo aos seguintes critérios: escritos em inglês, publicados entre 2020 e 2021 e com as seguintes palavras-chaves: COVID-19; COVID longa; Síndrome pós-COVID. **Resultados/Discussão:** Dentre os sintomas relatados, estão incluídos fadiga, mialgia, dispneia, dores nas articulações, dores torácicas e falta de ar após realização de pequenos esforços. Nesse sentido, pontuou-se que os sintomas identificados no período pós-COVID são caracterizados por um conjunto de sequelas pertinentes aos sistemas nervoso central e cardiovascular, além de sequelas inflamatórias e danos teciduais que podem gerar disfunção em múltiplos órgãos, sobretudo, do fígado e dos rins. Ademais, considerando que o SARS-CoV-2 possui tropismo característico pelo sistema respiratório, destacam-se, também, os persistentes sinais de fibrose pulmonar que, a depender da lesão, alteram a estrutura dos tecidos, tornando-os espessos e rígidos, limitando, conseqüentemente, a funcionalidade do órgão. Esse quadro clínico é tido, então, como a principal causa da síndrome pulmonar pós-COVID e dialoga diretamente com os sintomas respiratórios citados anteriormente. Além disso, tratando-se dos sintomas cardiovasculares, notam-se diferentes manifestações clínicas como cardiomegalia associada à dilatação e disfunção ventricular, hipertensão e tromboembolismo pulmonar, além de trombose venosa profunda, frutos das anormalidades hemostáticas advindas da COVID-19.^{3,4} **Conclusão:** A síndrome pós-COVID está presente em pacientes na forma de sequelas neurológico-motoras, cardiovasculares, inflamatórias, além de disfunções de órgãos periféricos como o fígado e os rins.



Palavras-chave: COVID-19; COVID longa; Síndrome pós-COVID; Sequelas.

Referências:

1. DE SOUZA SILVA, G. A. et al. SARS-CoV, MERS-CoV and SARS-CoV-2 infections in pregnancy and fetal development. *Journal of gynecology obstetrics and human reproduction*, v. 49, n. 10, p. 101846, 2020.
2. Kamal, M., Abo Omirah, M., Hussein, A., & Saeed, H. (2021). Assessment and characterisation of post-COVID-19 manifestations. *International journal of clinical practice*, 75(3), e13746.
3. Sykes, D. L., Holdsworth, L., Jawad, N., Gunasekera, P., Morice, A. H., & Crooks, M. G. (2021). Post-COVID-19 symptom burden: what is long-COVID and how should we manage it?. *Lung*, 199(2), 113-119.
4. Nalbandian, A., Sehgal, K., Gupta, A., Madhavan, M. V., McGroder, C., Stevens, J. S., ... & Wan, E. Y. (2021). Post-acute COVID-19 syndrome. *Nature medicine*, 27(4), 601-615.





XXVII Semana de Biomedicina "Inovação e Ciência"



A IMPORTÂNCIA DO DIAGNÓSTICO DIFERENCIAL DA LEISHMANIOSE TEGUMENTAR EM HUMANOS

Stephane Naiara Carvalho dos Santos¹; Ana Barbara Xavier da Silva²; Samara Ferreira de Souza³; Juliana Figueirêdo Costa Lima Suassuna Monteiro⁴; Cláudio Júlio da Silva⁵; Cláudia Sofia de Assunção Gonçalves e Silva⁶; Sinval Pinto Brandão Filho⁷; Maria Edileuza Felinto de Brito⁸

¹Aluna de iniciação científica do Instituto Aggeu Magalhães-Fiocruz/ IAM-Fiocruz-PE¹ (stephane_naiara@hotmail.com)

²Aluna de iniciação científica do Instituto Aggeu Magalhães-Fiocruz/ IAM-Fiocruz-PE² (abx_abx@hotmail.com)

³Mestranda do Instituto Aggeu Magalhães-Fiocruz/ IAM-Fiocruz-PE³ (samaraaferreira@gmail.com)

⁴Colaboradora do Instituto Aggeu Magalhães- Fiocruz/ IAM-Fiocruz-PE⁴ (jujufig@hotmail.com)

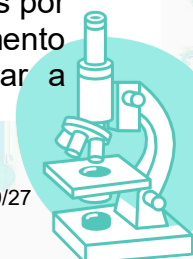
⁵Colaborador do Instituto Aggeu Magalhães- Fiocruz/ IAM-Fiocruz-PE⁵ (claudio_julio_silva@hotmail.com)

⁶Professora da Universidade Fernando Pessoa, Porto, Portugal⁶ (csilva@ufp.edu.pt)

⁷ Pesquisador do Instituto Aggeu Magalhães-Fiocruz/ IAM-Fiocruz-PE⁷ (sinval.brandao@fiocruz.br)

⁸ Pesquisadora do Instituto Aggeu Magalhães-Fiocruz/ IAM-Fiocruz-PE⁸ (edileuza.brito@fiocruz.br)

Introdução: A Leishmaniose Tegumentar (LT) é uma doença negligenciada de relevância para saúde pública, responsável por acometer a pele com lesões e de amplo espectro clínico⁽¹⁾. Essa antropozoonose é causada pelo protozoário do gênero *Leishmania* e da família *Trypanosomatidae* a partir da hematofagia do flebótomo fêmea infectado com o parasito. O diagnóstico é realizado mediante ao inquérito epidemiológico, das manifestações clínicas e dos métodos laboratoriais⁽¹⁾. No entanto, no diagnóstico clínico, as lesões podem se assemelhar facilmente com dermatoses fúngicas, bacterianas e virais como Esporotricose, Paracoccidioidomicose, Erisipela, Sífilis e Herpes Zoster⁽²⁾. Sendo necessário o diagnóstico laboratorial para identificação do seu agente etiológico ou antígenos por metodologias sensíveis e específicas afim de obter-se um diagnóstico e tratamento assertivo para o paciente. **Objetivo:** O estudo tem como objetivo destacar a



importância do diagnóstico diferencial da LT frente a progressão e tratamento da doença. **Métodos:** Foi realizada uma busca no portal científico PubMed utilizando os descritores, Leishmaniasis; Differential diagnosis; Humans com os filtros sem restrição linguística para os últimos 5 anos (2016-2021) em modelos humanos. O retorno obtido foi de 130 artigos, dos quais 23 foram selecionados para revisão bibliográfica. **Resultados:** A depender da espécie envolvida na infecção e da resposta imune do hospedeiro as manifestações clínicas podem ser diversas, devido a esse fator os resultados mostram que a LT pode mimetizar outras dermatoses com suas manifestações de lesões ulcerativas, indolores, secas e duradouras⁽³⁾. Além disso, utilização de teste sorológicos para o diagnóstico é outro elemento implicativo no diagnóstico laboratorial, pois sua sensibilidade é variável e reações cruzadas são recorrentes com os agentes etiológicos da Doença de Chagas, Esporotricose e Paracoccidiodomicose⁽¹⁾. Em consequência, pode-se ocorrer falsos-negativos levando o paciente com LT a fazer um tratamento incorreto, resultando na progressão da doença e surgimento de morbidades⁽⁴⁾. **Conclusões:** A LT é prevalente no Brasil e sua incidência tem aumentado devido a urbanização e desmatamento. Nas áreas endêmicas a aplicação do diagnóstico diferencial nas dermatoses por inquérito epidemiológico e técnicas laboratoriais sensíveis e específicas como PCR ou qPCR é de extrema relevância para um laudo assertivo da LT para que o paciente tenha um tratamento direcionado e o não agravamento da doença.

Palavras-chave: Leishmaniose tegumentar. Diagnóstico diferencial. Dermatoses.

Referências:

- (1) Brasil. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Departamento de Vigilância das Doenças Transmissíveis. **Manual de vigilância da leishmaniose tegumentar**. Brasília, 2017.
- (2) Gurel MS, Tekin B, Uzun S. Cutaneous leishmaniasis: A great imitator. **Clin Dermatol**. Mar-Apr, 2020.
- (3) An I, Aksoy M, Ozturk M, Ayhan E, Erat T, Yentur Doni N, Guldur ME. Atypical and unusual morphological variants of cutaneous leishmaniasis. **Int J Clin Pract**. Mar, 2021.
- (4) Von Stebut E. Leishmaniasis : Diagnosis and therapy. **Hautarzt**. Jul, 2017.





XXVII Semana de Biomedicina



“Inovação e Ciência”

A PROTEÍNA PfGARP COMO POSSÍVEL CANDIDATA À VACINA ANTIMALÁRICA

Saulo Brivaldo Mendonça da Silva¹, Ana Bárbara Xavier da Silva², Mariana Souza Bezerra Cavalcanti³, João Lucas Pessoa de Vasconcelos⁴, Maria Clara Cavalcante Gomes⁵, Nathaly Bruna de Oliveira Silva⁶

¹Discente de Biomedicina, Universidade Federal de Pernambuco - UFPE
(saulo.brivaldo@ufpe.br)

²Discente de Biomedicina, Universidade Federal de Pernambuco - UFPE
(barbara.xavier@ufpe.br)

³Discente de Biomedicina, Universidade Federal de Pernambuco - UFPE
(mariana.souzacavalcanti@ufpe.br)

⁴Discente de Biomedicina, Universidade Federal de Pernambuco - UFPE
(joao.pvasconcelos@ufpe.br)

⁵Discente de Biomedicina, Universidade Federal de Pernambuco - UFPE
(clara.cavalcanteg@ufpe.br)

⁶Discente de Biomedicina, Universidade Federal de Pernambuco - UFPE
(nathaly.bruna@ufpe.br)

Introdução: A malária é uma parasitose que, apesar de antiga, continua sendo um grande risco para saúde pública com cerca de 445 mil mortes por ano ao redor do mundo⁽²⁾. Apesar de possuir cinco agentes etiológicos, o *Plasmodium falciparum* é o principal, sendo responsável pelo maior número de mortes por malária^(1,2). Uma vez que há diversos empecilhos quando se trata da erradicação da malária como resistência a inseticidas e a drogas antimaláricas, foi observada a necessidade de uma vacina contra o agravamento dessa parasitose⁽¹⁾. O fato de que a fase sanguínea do *Plasmodium* é atualmente apontada como um dos possíveis alvos para a ação de uma vacina, fez os pesquisadores enxergarem a proteína rica em ácido glutâmico do *P. falciparum* (PfGARP) que é encontrada na superfície das células vermelhas infectadas pelo parasita^(2,3). Assim, fez-se necessária uma pesquisa com os anticorpos contra essa proteína para melhor elucidação.

Objetivos: O objetivo deste resumo é observar os efeitos dos anticorpos anti-PfGARP contra trofozoítos do *Plasmodium falciparum* e como esses anticorpos oferecem proteção contra o agravamento da malária. **Métodos:** Foi realizada a procura nas plataformas científicas PubMed e Google Acadêmico e os artigos utilizados foram encontrados por meio do descritor “malaria vaccine”. **Resultados:** Os anticorpos anti-PfGARP presentes nos indivíduos estudados foram apontados como responsáveis pela diminuição da integridade morfológica dos parasitas, onde os mesmos apresentaram-se picnóticos, característicos de morte⁽³⁾. Além disso, esses anticorpos causaram uma diminuição da integridade do vacúolo digestivo, apresentando-se com um tamanho menor ou até mesmo ausente⁽³⁾. Outrossim, os parasitas sofreram alterações no potencial de membrana mitocondrial, tendo a mitocôndria perdido função após 24h⁽³⁾. Por fim, os anticorpos anti-PfGARP ativaram

a morte celular programada desses parasitas por meio da ativação de caspases⁽³⁾. **Conclusões:** Com base no que foi exposto, é possível concluir que a PfGARP é uma excelente candidata para o desenvolvimento de uma vacina contra o *Plasmodium falciparum* por meio da morte dos parasitas. Sendo assim, é necessário que sejam realizados mais estudos com a PfGARP com o objetivo de obter mais informações acerca dos benefícios de uma vacina com essa proteína e, ainda, conhecer possíveis malefícios para que possa ser inclusa no mercado de forma eficaz e segura, diminuindo a ocorrência de malária grave e assim evitando o sofrimento de milhares de pessoas infectadas com esta parasitose ao redor do mundo.

Palavras-chave: Malária; Vacina; Anticorpos anti-PfGARP.

Referências:

1. FRIMPONG, A. *et al.* **Novel Strategies for Malaria Vaccine Design.** *Frontiers in Immunology* (Vol. 9). 2018.
2. MCCALL, M.B.B, KREMSNER, P.G, MORDMÜLLER, B. **Correlating efficacy and immunogenicity in malaria vaccine trials.** *Seminars in Immunology* (Vol. 39, p.52-64). 2018.
3. RAJ, D.K. *et al.* **Anti-PfGARP activates programmed cell death of parasites and reduces severe malaria.** *Nature* (Vol. 582). 2020.



XXVII Semana de Biomedicina "Inovação e Ciência"



A RELAÇÃO ENTRE A ANOSMIA E DISGEUSIA NA COVID-19

Stephane Naiara Carvalho dos Santos¹; Ana Helena Lemos da Silva Ramos²; Felix Alberto Almeida Lima da Silva³; Joyce Adrielle Silva dos Santos⁴; Ylson dos Santos Queiroz Filho⁵

¹Graduanda em Biomedicina pela Universidade Federal de Pernambuco¹ (stephane_naiara@hotmail.com)

²Graduanda em Biomedicina pela Universidade Federal de Pernambuco² (anahelenalsr2@hotmail.com)

³Graduando em Biomedicina pela Universidade Federal de Pernambuco³ (albertoalmeidas6@gmail.com)

⁴Graduanda em Biomedicina pela Universidade Federal de Pernambuco⁴ (joycesantos.pe@hotmail.com)

⁵ Graduação em Biomedicina pela Universidade Federal de Pernambuco⁵ (ylson.santos@ufpe.br)

Introdução: A *Coronaviridae* é uma grande família de vírus de RNA causadores de síndromes respiratórias comuns em animais e humanos⁽¹⁾. Em dezembro de 2019 foi detectado em Wuhan, China, um novo subgênero coronavírus, o SARS-COV-2⁽²⁾. A COVID-19, assim denominada a doença causada pelo novo coronavírus, é responsável por desencadear desde sintomas gripais leves a síndrome respiratória aguda grave⁽¹⁾. Além de anosmia (perda de olfato) e disgeusia (diminuição do paladar) os quais são sintomas relatados entre os infectados durante o curso da doença. **Objetivo:** Considerando a situação atual mundial, marcada por importantes crises na saúde pública, sendo a pandemia da Covid-19 uma delas, o presente artigo buscou reunir evidências científicas a respeito dos distúrbios gustativos e olfativos na COVID-19. **Metodologia:** Foi realizada uma busca no portal científico PubMed com os descritores Anosmia; Dysgeusia; COVID-19, com filtros sem restrição linguística para o período de 2 anos (2020-2021) em modelos humanos, o retorno foi de 100 artigos, dos quais 20 foram selecionados para revisão bibliográfica. **Resultados:** Os resultados alcançados mostram que na maioria dos pacientes a recuperação da anosmia e disgeusia é rápida e geralmente reversível, em virtude da capacidade do epitélio olfativo de se regenerar e da recuperação das células epiteliais da língua que em alguns casos depende da recuperação do olfato primeiramente, quando este também estiver alterado⁽³⁾. Diversos estudos mostram uma correlação entre a perda ou alteração do olfato e do paladar e a infecção pelo



SARS-CoV-2.^{(4),(5)} Atualmente não se sabe quanto tempo esses sintomas podem permanecer e determinar se haverá uma recuperação completa das funções olfativa e gustativa. Os mecanismos fisiopatológicos das alterações do olfato e paladar ainda não foram totalmente elucidados⁽³⁾. Quanto ao tratamento para esses distúrbios ainda não se tem conhecimento na medicina de medicamentos ou tratamentos que sejam eficazes na recuperação das funções olfativa/gustatória. **Conclusão:** Nos casos estudados, anosmia e disgeusia foram os principais sintomas que acometeram os pacientes com a COVID-19 leve, os quais podem ou não persistir após a cura clínica da doença. Portanto, é desejável que futuros estudos de longa duração sejam realizados para se ter uma ideia mais abrangente para elucidação de mecanismos, duração dos sintomas após a cura clínica e desenvolvimento de terapias para o retorno dessas funções sensoriais.

Palavras-chaves: COVID-19. Anosmia. Disgeusia. Sintomas.

Referências:

- (1) LANA, Raquel Martins *et al.* Emergência do novo coronavírus (SARS-CoV-2) e o papel de uma vigilância nacional em saúde oportuna e efetiva. **Cad. Saúde Pública**, Rio de Janeiro, 2020.
- (2) SINGHAL, T. A Review of Coronavirus Disease-2019 (COVID-19). **Indian J Pediatr**, 2020.
- (3) SUTHERLAND S. Mysteries of COVID-19 smell loss finally yield some answers. **Scientific American**, 18 de novembro de 2020.
- (4) BARÓN-SÁNCHEZ *et al.*, Smell and taste disorders in Spanish patients with mild COVID-19, **Neurología**. Volume 35, 2020.
- (5) JOFFILY, Lucia *et al.* A estreita relação entre perda súbita de olfato e COVID-19. **Braz. j. otorhinolaryngol.**, São Paulo , v. 86, n. 5, p. 632-638, out. 2020.





XXVII Semana de Biomedicina "Inovação e Ciência"



ANÁLISE DO EFEITO DA SUPLEMENTAÇÃO DE AMINOÁCIDOS NA CIM DA BACTÉRIA *LACTOBACILLUS HALOTOLERANS*

Karolaine Moura da Silva¹, Allyson de Andrade Mendonça², Marcos Antônio de Moraes Junior³

¹Universidade Federal de Pernambuco - UFPE ¹(karolaine.moura@ufpe.br)

²Universidade Federal de Pernambuco - UFPE

²(allyson.andrade.mendonca@gmail.com)

³Universidade Federal de Pernambuco - UFPE ³(marcos.moraisjr@ufpe.br)

Introdução: A microbiota humana é composta por vários gêneros bacterianos, dentre eles estão os *Lactobacillus*⁽¹⁾. Além do corpo humano, estas bactérias podem estar presentes nos processos fermentativos para produção de etanol, sendo responsáveis por boa parte da contaminação do mosto fermentativo⁽⁴⁾. A utilização de tratamentos físicos e químicos, como administração de antimicrobianos, é realizada para o controle bacteriano. Entretanto, nas últimas décadas, resistência a diversos antibióticos utilizados na indústria foram surgindo⁽²⁾. Em estudos anteriores foi identificado que cepas de *Lactobacillus vini* cultivadas em meio MRS suplementado com o aminoácido cisteína mostram-se mais resistentes ao antibiótico eritromicina⁽³⁾. **Objetivos:** Assim, este trabalho teve como objetivo analisar o efeito dos vinte aminoácidos sobre a CIM, para o antibiótico tetraciclina, da espécie bacteriana *Lactobacillus halotolerans*, pertencente do gênero *Lactobacillus*. **Métodos:** Foi determinada a concentração inibitória mínima (CIM) da espécie *L. halotolerans* utilizando a metodologia de microdiluição em caldo para o antibiótico tetraciclina, na ausência ou na presença de cada um dos 20 aminoácidos na concentração de 40mM. **Resultados:** Foi observado que na maioria dos casos, a suplementação com os aminoácidos teve efeito neutro ou induziu um leve aumento da tolerância à droga. Os aminoácidos alanina, arginina, histidina, isoleucina, leucina, fenilalanina, triptofano e valina aumentaram o CIM da droga em 2x. Enquanto que os aminoácidos aspartato, cisteína, glutamato, glutamina, glicina, metionina, prolina, serina, treonina e tirosina não modificaram o CIM para tetraciclina. O aminoácido lisina foi o único que teve efeito de diminuição da tolerância, reduzindo-a em 2x. Já a asparagina foi responsável por um aumento de 8x em comparação ao CIM original, sendo o aminoácido que mais aumentou a tolerância do microrganismo à tetraciclina. **Conclusões:** Com isso, concluímos que os aminoácidos podem vir a causar uma modificação na CIM da espécie de *Lactobacillus halotolerans*, tanto aumentando ou diminuindo a sua tolerância, sendo válido estudar mais a fundo em demais microrganismos e qual mecanismo por trás de tais efeitos.

Palavras-chave: aminoácidos; *Lactobacillus*; resistência; tetraciclina.

- Referências:** 1. Bernardeau et al. Safety assessment of dairy microorganisms: the *Lactobacillus* genus. **Int J Food Microbiol.** V.126, n.3. p.278-285, 2008. 2. Danielsen, M. Wind, A. Susceptibility of *Lactobacillus* spp. to antimicrobial agents. **Int J Food Microbiol.** V.82, n.1. p.1-11, 2003.
3. Mendonça et al. Cysteine induces resistance of lactobacilli to erythromycin and azytromycin. **International Journal of Antimicrobial Agents.** v. 53: p. 352-353, 2019.
4. Skinner, K. A. Leathers, T. D. Bacterial contaminants of fuel ethanol production. **J Ind Microbiol Biotechnol.** V.31, n.9. p.401-408, 2004.





XXVII Semana de Biomedicina "Inovação e Ciência"



ANÁLISE DOS ÍNDICES DE SELETIVIDADE DO MICRORGANISMO FOTOSINTETIZANTE *Chlorella vulgaris* PARA A LEISHMANIOSE VISCERAL HUMANA.

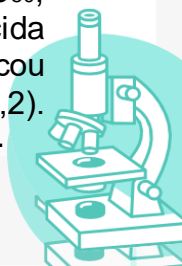
Jady Moreira da Silva^{1, 2}, Victor Vaitkevicius Antão de Souza², Maria Gabriella Nunes de Melo², Isabelle Barreto da Silva Moreira Reino^{1, 2}, José Noé da Silva Júnior³, ~~Virgínia Maria Barros de Lorena²~~, Raquel Pedrosa Bezerra³, Milena de Paiva Cavalcanti².

¹Universidade Federal de Pernambuco (UFPE).
(jadymoreiras@gmail.com; isabelle.reino@hotmail.com)

²Instituto Aggeu Magalhães (IAM/FIOCRUZ-PE).
(victorvaitkeantao@gmail.com; mariagabriela_melo@gmail.com;
romulops12@gmail.com; lorena@cpqam.fiocruz.br; milena.cavalcanti@fiocruz.br)

³Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE).
(silvajosejunior94@gmail.com; rpbezerra@yahoo.com.br)

Introdução: As leishmanioses são um complexo de doenças infecciosas com amplo espectro de manifestações clínicas, variando de formas cutâneas à uma forma visceral. Apresentam diversas características clínicas e com diferentes graus de gravidade a depender da espécie parasitária envolvida e da resposta imune do hospedeiro¹. A Leishmaniose Visceral (LV) é a forma clínica mais grave, resultando em altas taxas de morbidade e mortalidade caso não seja tratada adequadamente². Com as limitações dos atuais tratamentos para a LV, como a resistência do parasito e a alta toxicidade³, aumenta a necessidade da busca por novos candidatos terapêuticos mais eficazes e seguros. Dentre os produtos naturais, os microrganismos fotossintetizantes de origem marinha estão se destacando, devido a sua diversidade de metabólitos bioativos e suas propriedades biológicas^{4,5}. **Objetivo:** Avaliar *in vitro* os índices de seletividade do extrato bioativo da *Chlorella vulgaris* e compará-lo com a droga de referência para o tratamento da leishmaniose visceral humana. **Métodos:** O extrato bioativo foi obtido após cultivo da microalga, através do processo de sonicação. Células mononucleares do sangue periférico de humanos saudáveis foram tratadas com o extrato e com a droga de referência (antimoniato pentavalente - Sb^V) em concentrações seriadas de 1000µg/ml a 62,5µg/ml e, a partir disso, a concentração citotóxica de 50% (CC₅₀) foi determinada através de ensaios de viabilidade celular pelo método de MTT. Promastigotas de *Leishmania infantum* foram tratadas com o extrato bioativo e com o Sb^V em concentrações seriadas de 500µg/ml a 15,63µg/ml para determinação da concentração inibitória de 50% (IC₅₀) através de contagem celular por microscopia óptica. Os índices de seletividade (IS) foram determinados pela razão entre o valor de CC₅₀ e IC₅₀. **Resultados:** O extrato de *C. vulgaris* apresentou uma menor toxicidade às células humanas (CC₅₀=999,66µg/ml) quando comparado com a droga de referência (Sb^V= 412,43µg/ml). Em relação a IC₅₀, quando comparado com o Sb^V, o extrato demonstrou uma maior atividade leishmanicida (IC₅₀= 192,12). Ao determinar o IS do extrato, foi possível observar que este indicou ser cerca de 5 vezes mais seletivo ao parasito do que às células humanas (IS= 5,2). Enquanto o Sb^V expressou uma menor seletividade ao parasito (IS= 2,11).



Conclusão: Diante dos resultados obtidos, o extrato bioativo de *Chlorella vulgaris* apresenta-se promissor. Os resultados contribuirão para futuros estudos para o desenvolvimento de novas terapias para o tratamento da leishmaniose visceral humana.

Palavras-chave: *Leishmania infantum*; Tratamentos; Organismos marinhos.

Apoio financeiro: FIOCRUZ/CNPq.

Aprovação do Comitê de Ética em Pesquisa (CEP-IAM): 4.077.060.

SISGEN *Leishmania* sp.: A26B8A0.

Referências:

- ¹ TORRES-GUERRERO, Edoardo; QUINTANILLA-CEDILLO, Marco Romano; RUIZ ESMENJAUD, Julieta; ARENAS, Roberto. Leishmaniasis: a review. **F1000Research**, [s.l.], v. 6, p. 750-765, 2017. DOI: 10.12688/f1000research.11120.1.
- ² HEFNAWY, Aya; BERG, Maya; DUJARDIN, Jean-Claude; MUYLDER, Géraldine de. Exploiting Knowledge on Leishmania Drug Resistance to Support the Quest for New Drugs. **Trends In Parasitology**, [s.l.], v. 33, n. 3, p. 162-174, 2017. DOI: 10.1016/j.pt.2016.11.003.
- ³ PONTE-SUCRE, Alicia; GAMARRO, Francisco; DUJARDIN, Jean-Claude; BARRETT, Michael P.; LÓPEZ-VÉLEZ, Rogelio; GARCÍA-HERNÁNDEZ, Raquel; POUNTAIN, Andrew W.; MWENECHANYA, Roy; PAPADOPOULOU, Barbara. Drug resistance and treatment failure in leishmaniasis: a 21st century challenge. **Plos Neglected Tropical Diseases**, [s.l.], v. 11, n. 12, p. 1-24, 2017. DOI: 10.1371/journal.pntd.0006052.
- ⁴ YAMTHE, Lauve Tchokouaha; APPIAH-OPONG, Regina; FOKOU, Patrick Tsouh; TSABANG, Nole; BOYOM, Fabrice Fekam; NYARKO, Alexander; WILSON, Michael. Marine Algae as Source of Novel Antileishmanial Drugs: a review. **Marine Drugs**, [s.l.], v. 15, n. 11, p. 323-351, 2017. DOI: 10.3390/md15110323.
- ⁵ ALIANÇA, Amanda; ANJOS, Keicyanne; REIS, Thiago de Vasconcelos; HIGINO, Taciana; BRELAZ-DE-CASTRO, Maria; BIANCO, Éverson; FIGUEIREDO, Regina de. The in Vitro Biological Activity of the Brazilian Brown Seaweed *Dictyota mertensii* against *Leishmania amazonensis*. **Molecules**, [s.l.], v. 19, n. 9, p.14052-14065, 2014. DOI: 10.3390/molecules190914052.





XXVII Semana de Biomedicina "Inovação e Ciência"



ANÁLISE *in vitro* DO POTENCIAL TERAPÊUTICO DO EXTRATO BIOATIVO DA MICROALGA *Dunaliella tertiolecta* PARA A LEISHMANIOSE VISCERAL HUMANA

Isabelle Barreto da Silva Moreira Reino^{1,2}, Jady Moreira da Silva^{1,2}, Rômulo Pessoa e Silva², Victor Vaitkevicius Antão de Souza², Maria Gabriella Nunes de Melo², Virgínia Maria Barros de Lorena², Raquel Pedrosa Bezerra³, Milena de Paiva Cavalcanti².

¹ Universidade Federal de Pernambuco (UFPE).

(isabelle.reino@hotmail.com; jadymoreiras@gmail.com)

² Instituto Aggeu Magalhães (IAM/FIOCRUZ-PE).

(romulops12@gmail.com; victorvaitkeantao@gmail.com; mariagabriella_melo@gmail.com; virginia.lorena@fiocruz.br; milena.cavalcanti@fiocruz.br)

³ Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE).

(rpbezerra@yahoo.com.br)

Introdução: A investigação de novos alvos com potencial terapêutico para a leishmaniose visceral (LV) é fundamental, pois o tratamento atual é limitado e pode induzir resistência, alta toxicidade, ter longos períodos de administração e graves efeitos adversos.⁽¹⁾ Nesse contexto, microrganismos fotossintetizantes (MFs), como as microalgas, vêm sendo investigados e se mostrando promissores na terapêutica de doenças parasitárias, além de serem de fácil obtenção e cultivo e possuir baixo custo de produção.^(2,3) **Objetivo:** Avaliar *in vitro* o potencial terapêutico do extrato bioativo da microalga *Dunaliella tertiolecta* para a LV humana. **Métodos:** O extrato foi obtido após o cultivo da microalga. Células mononucleares do sangue periférico (PBMC) de humanos saudáveis foram estimuladas com o extrato bioativo e com a droga de referência Antimoniato de N-metilglucamina (Glucantime[®]), ambos nas concentrações de 1000µg/mL, 500µg/mL, 250µg/mL, 125µg/mL e 62,5µg/mL, e a concentração citotóxica de 50% (CC₅₀) foi determinada por meio da análise da viabilidade celular através do método de MTT.⁽⁴⁾ Células de *L. infantum* na forma evolutiva promastigota foram tratadas com o extrato (500µg/mL, 250µg/mL, 125µg/mL, 62,5µg/mL, 31,25µg/mL e 15,63 µg/mL) e com o Antimoniato de N-metilglucamina (curva de concentração de 250µg/mL a 15,63µg/mL) para determinação da concentração inibitória de 50% (IC₅₀), por meio de contagem celular ao microscópio óptico.⁽⁵⁾ Através da razão CC₅₀/IC₅₀, foram calculados os índices de seletividade (IS) do extrato bioativo e da droga de referência. Este trabalho possui aprovação pelo Comitê de Ética em Pesquisa Humana (parecer 4.077.060, FIOCRUZ/PE). **Resultados:** com relação à CC₅₀, *D. tertiolecta* apresentou-se mais tóxica para células humanas (CC₅₀ = 252,55 µg/mL) do que o Antimoniato de N-



metilglucamina ($CC_{50} = 412,46 \mu\text{g/mL}$). Quanto à IC_{50} , o extrato da microalga demonstrou uma atividade leishmanicida ($IC_{50} = 53,75$) maior do que a droga de referência ($IC_{50} = 195,15 \mu\text{g/mL}$). Por fim, os valores dos IS demonstraram que *D. tertiolecta* é mais seletiva para o parasito (4,70) do que o Antimoniato de N-metilglucamina (2,11). **Conclusões:** os resultados se mostraram promissores e ajudarão no direcionamento de próximas etapas do estudo envolvendo MFs, visando a produção de novos tratamentos que resultem em melhorias no controle estratégico da doença e na qualidade de vida da população afetada.

Palavras-chave: microalgas; terapia; leishmaniose visceral.

Apoio financeiro: FIOCRUZ/CNPq.
SISGEN *Leishmania* sp.: A26B8A0.

Referências:

- (1) NO, J. H. Visceral leishmaniasis: Revisiting current treatments and approaches for future discoveries. **Acta Tropica**, Basel, v. 155, p. 113-123, 2016. doi: 10.1016/j.actatropica.2015.12.016.
- (2) JENA, J.; SUBUDHI, E. Microalgae: An Untapped Resource for Natural Antimicrobials. **Springer Nature**, Singapura, p. 99-114, 2018.
- (3) ORTENZIO, YT et al. Cultivo de microalgas utilizando resíduos agroindustriais para a produção de bicompostíveis: perspectivas e desafios. **Bioenergia em Revista: Diálogos**, v. 5, n. 1, p. 58-65, 2015.
- (4) Mosmann T. Rapid colorimetric assay for cellular growth and survival: application to proliferation and cytotoxicity assays. **J Immunol Methods**, v. 16, n. 65, p. 55-63, 1983. doi: 10.1016/0022-1759(83)90303-4.
- (5) COMANDOLLI-WYREPKOWSKI, C. D. et al. Antileishmanial activity of extracts from *Libidibia ferrea*: development of in vitro and in vivo tests. **Acta Amazonica**, v. 47, n. 4, p. 331-340, 2017. doi: 10.1590/1809-4392201700871.





XXVII Semana de Biomedicina "Inovação e Ciência"



ASPECTOS RELACIONADOS À OCORRÊNCIA DA SÍFILIS EM MULHERES NO SISTEMA PRISIONAL

¹ Kamyille Cynnara Tavares da Silva, ² Pricylla Judytte Marques dos Santos, ³ Marina Macedo Gomes

¹ Universidade Federal de Pernambuco (kamyille.cynnara@ufpe.br / (81)992501478)

² Universidade Federal de Pernambuco (pricylla.judytte@ufpe.br)

³ Universidade Federal de Pernambuco (marina.macedog@ufpe.br)

Introdução: A sífilis é uma infecção bacteriana causada pela espiroqueta *Treponema pallidum*, subespécie *pallidum* ⁽⁴⁾. Além de ser uma infecção sexualmente transmissível (IST), é transmitida verticalmente, ou seja, passada da mãe para o bebê através da gestação, do parto ou da amamentação, sendo caracterizada pelos seus mecanismos de evolução, reprodução e crescimento parasitário ⁽⁴⁾. Em alguns casos, não há a presença de sinais ou sintomas, contribuindo para a negligência do diagnóstico e do tratamento, como também se tornando prejudicial para o indivíduo. Por ser uma infecção com um grande avanço no número de casos, aspectos relacionados às condições do sistema prisional propiciam uma ameaça adicional para a sífilis, principalmente nas mulheres encarceradas ⁽²⁾. **Objetivos:** O presente trabalho tem como objetivo reunir informações acerca dos casos de sífilis em mulheres no sistema prisional e explicar os fatores de riscos nesse cenário. **Métodos:** Corresponde a uma revisão bibliográfica baseada em artigos científicos, entre os anos de 2017 a 2020. Para isso, foram utilizadas pesquisas na base de dados PubMed e um artigo da UFC, a fim de contribuir para o desenvolvimento e formação do trabalho. **Resultados:** A prevalência dos casos de sífilis em mulheres nos sistemas prisionais é alta em comparação com a população geral. Isso acontece devido a fatores de risco presentes antes e após o encarceramento ⁽¹⁾. Essas variáveis, que apresentam associação com a soropositividade para sífilis, são o baixo nível socioeconômico, agressão sexual, uso de drogas injetáveis e comportamento sexual de alto risco, por meio do uso esporádico de preservativo ⁽¹⁾. É possível incluir também o consumo frequente de bebidas alcoólicas, assim como o relacionamento com parceiros usuários de drogas injetáveis. A partir de estudos, foi retratado que o uso de preservativo é considerado um fator de proteção contra a infecção, mostrando a importância de campanhas para prevenção, tratamento e diagnóstico entre as mulheres encarceradas ⁽³⁾. Entretanto, algumas regiões do Brasil, como o Nordeste, sofrem com a ausência de medidas educacionais preventivas e orientadoras nas prisões, além da alta vulnerabilidade das mulheres que vivem nesse cenário ⁽³⁾. **Conclusão:** Podemos concluir que a sífilis é uma infecção presente no sistema carcerário, acometendo o grupo de mulheres, diante de variáveis de risco ligadas à doença. Portanto, é necessário métodos de rastreios para diagnóstico e tratamento precoce, visto que o âmbito prisional interfere na vulnerabilidade da saúde da mulher.

Palavras-chave: *Treponema pallidum*; Sífilis; Prisões; Saúde da mulher

Referências:

1. BATISTA, Mara Ilka Holanda de Medeiros; PAULINO, Marcília Ribeiro; CASTRO, Kaline Silva; GUEIROS, Luiz Alcino Monteiro; LEÃO, Jair Carneiro; CARVALHO, Alessandra Albuquerque Tavares. Alta prevalência de sífilis em unidade prisional feminina do Nordeste brasileiro. *einstein* (São Paulo), São Paulo, v. 18, eAO4978, maio. 2020. https://doi.org/10.31744/einstein_journal/2020AO4978.
2. SILVA, P. A. S. et al. Sífilis em mulheres egressas do sistema prisional: prevalência e fatores associados. **Rev Rene**, Fortaleza, v. 19, e3321, 2018.
3. Silva Santana R, Kerr L, Mota RS, Kendall C, Rutherford G, McFarland W. Lifetime Syphilis Prevalence and Associated Risk Factors Among Female Prisoners in Brazil. **Sex Transm Dis.** 2020 Feb;47(2):105-110. doi: 10.1097/OLQ.0000000000001113. PMID: 31851039.
4. Peeling RW, Mabey D, Kamb ML, Chen XS, Radolf JD, Benzaken AS. Syphilis. **Nat Rev Dis Primers.** 2017 Oct 12;3:17073. doi: 10.1038/nrdp.2017.73. PMID: 29022569; PMCID: PMC5809176.





XXVII Semana de Biomedicina "Inovação e Ciência"



ATIVIDADE ANTIFÚNGICA DO ÓLEO ESSENCIAL DE *Melaleuca alternifolia* NO TRATAMENTO DA ONICOMICOSE: UMA REVISÃO

Maria Amélia Paiva Ferruccio¹, Abigail Eduarda de Miranda Magalhães², Auygna Pamyda Gomes da Silva³, Tayonara dos Santos Melo⁴, Tuarne dos Santos Melo⁵

¹Universidade Federal de Pernambuco¹ (miaferruccio@gmail.com)

²Centro Universitário Boa Viagem² (abimiranda00@gmail.com)

³Universidade Federal de Pernambuco³ (auygna@gmail.com)

⁴Universidade Federal de Pernambuco⁴ (tayonaramelo@gmail.com)

⁵Instituto Aggeu Magalhães – FIOCRUZ PE⁵ (tuarne_melo17@hotmail.com)

Introdução: A Onicomicose é o termo empregado para descrever uma infecção fúngica oportunista, causada por leveduras ou por dermatófitos. Apesar de ser uma doença restrita a unha, o tratamento padrão é longo, com efeitos colaterais, dispendioso, pouco efetivo e ainda dependente de administração por via oral e tópica em associação. ⁽¹⁾ Sendo assim, a busca por alternativas faz-se necessária. A *Melaleuca alternifolia* (MA) é uma planta nativa da Austrália utilizada tradicionalmente pelos povos aborígenes para tratamento de feridas e infecções de pele. ⁽²⁾ O óleo essencial de *Melaleuca* possui ação antimicrobiana estabelecida na literatura e vem sendo largamente explorado pela indústria cosmética. ⁽³⁾ **Objetivos:** Realizar um levantamento bibliográfico para investigar a ação antifúngica do óleo essencial de MA no combate da onicomicose. **Métodos:** Através da revisão de literatura do tipo narrativa, com o auxílio de um protocolo de inclusão e exclusão criado foi realizada uma busca de trabalhos científicos publicados em inglês, português ou espanhol, nas seguintes bases de dados: Lilacs, PubMed, Google Acadêmico e SciELO. O *string* de busca utilizado foi “*Melaleuca*” e “Onicomicose”, ambos baseados em terminologias cadastradas pelo DeCS e MeSH. **Resultados:** A busca resultou em 22 trabalhos científicos dos quais 4 foram incluídos por atenderem ao protocolo de inclusão. Observou-se que há uma escassez de trabalhos que tratem sobre a onicomicose e a MA. Os trabalhos publicados apresentaram variedade na metodologia e no grupo controle utilizado. No entanto, os trabalhos existentes apontam que a MA possui melhor eficácia em associação com antifúngicos azólicos. Devido a dificuldade das substâncias de atravessar a lâmina ungueal, o óleo essencial de MA nas formas farmacêuticas de nanotecnologia, como nanocápsulas e nanoemulsões apresentaram melhores resultados. A MA apresentou melhor ação contra o dermatófito *T rubrum* em diferentes modelos *in vitro*, além de ação contra *T mentagrophytes* e *C albicans*, considerados os três principais agentes causadores de onicomicoses. **Conclusão:** O óleo de MA é um seguro e promissor antimicrobiano cujos indícios apesar de positivos ainda são poucos e não padronizados para comprovar eficácia, portanto faz-se necessário mais estudos *in vivo* com grupo controle adequado e metodologia padronizada para determinar se de fato o óleo de MA pode vir a ser de fato um agente valioso no tratamento da onicomicose.

Palavras-chave: Antifúngico, *Melaleuca*, Onicomicose.



Referências

- (1) KIOSHIMA, Érika Seki; OLIVEIRA, Ana Carla Pozzi; SVIDZINSKI, Terezinha Inez Estivalet. Onicomicoses: do diagnóstico ao tratamento. **Arquivos de Ciências da Saúde da UNIPAR**, v. 6, n. 2, 2002.
- (2) CARSON, Christine F.; HAMMER, Katherine A.; RILEY, Thomas V. Melaleuca alternifolia (tea tree) oil: a review of antimicrobial and other medicinal properties. **Clinical microbiology reviews**, v. 19, n. 1, p. 50-62, 2006.
- (3) HAMMER, KA 1; CARSON, C. F.; RILEY, T. V. Antifungal activity of the components of Melaleuca alternifolia (tea tree) oil. **Journal of applied microbiology**, v. 95, n. 4, p. 853-860, 2003.





XXVII Semana de Biomedicina "Inovação e Ciência"



ATIVIDADE ANTIMICROBIANA DO ÓLEO ESSENCIAL DE *Rosmarinus officinalis* L. FRENTE À *Escherichia coli*: UMA REVISÃO INTEGRATIVA

Tayonara dos Santos Melo¹, Abigail Eduarda de Miranda Magalhães², Auygna Pamyda Gomes da Silva³, Eniete Lívia da Silva⁴, Hévellin Talita Sousa Lins⁵, Maria Amélia Paiva Ferruccio⁶, Maria da Paz Rodrigues Silva⁷, Tuarne dos Santos Melo⁸

¹Universidade Federal de Pernambuco¹ (tayonaramelo@gmail.com)

²Centro Universitário Boa Viagem² (abimiranda00@gmail.com)

³Universidade Federal de Pernambuco³ (auygna@gmail.com)

⁴Universidade Federal de Pernambuco⁴ (eniete_livia@hotmail.com)

⁵Centro Universitário FBV Wyden⁵ (hevellyn.talita@gmail.com)

⁶Universidade Federal de Pernambuco⁶ (miaferruccio@gmail.com)

⁷Universidade Federal Rural de Pernambuco⁷ (ardapaz@gmail.com)

⁸Instituto Aggeu Magalhães – FIOCRUZ PE⁸ (tuarne_melo17@hotmail.com)

Introdução: Os óleos essenciais (OE) são produtos naturais constituídos por compostos voláteis e aromáticos extraídos de diferentes partes de plantas que podem apresentar atividade antimicrobiana contra patógenos ⁽¹⁾. A *Rosmarinus officinalis* L. (alecrim) é uma planta medicinal nativa da região mediterrânea e comumente utilizada como condimento e conservante de alimentos. Além disso, possui atividade anti-inflamatória, antioxidante, antimicrobiana, antiproliferativa, antitumoral e protetora ⁽²⁾. A *Escherichia coli* é um patógeno bacteriano gram-negativo. Na última década várias cepas multirresistentes de *E. coli* evoluíram devido ao crescente uso de antimicrobianos, tornando-se um desafio clínico e epidemiológico ⁽³⁾. Em virtude disso, os pesquisadores têm investigado abordagens alternativas para seu tratamento.

Objetivos: Produzir uma revisão bibliográfica sobre a atividade antimicrobiana do óleo essencial de *Rosmarinus officinalis* frente à *Escherichia coli*. **Métodos:** Trata-se de uma revisão de literatura integrativa. Utilizaram-se artigos obtidos nas bases de dados: BVS, PubMed e SciELO. Os descritores consultados foram “*Rosmarinus officinalis*”, “Oils, Volatile” e “*Escherichia coli*”. Os artigos selecionados foram publicados em inglês no período de 2016 a 2021. **Resultados:** Foram obtidos 22 artigos inicialmente e ao final foram selecionados 5 artigos que atenderam aos objetivos do estudo. Observou-se pelo método de difusão em disco que o OE de *R. officinalis* apresentou ação inibitória forte e leve, em 14% e 42% respectivamente, nos isolados de *E. coli* testados. Além disso, o OE de *R. officinalis* demonstrou efeito antibiofilme em 86,36% dos isolados testados. Dentre eles, 77,27% tornaram-se biofilme negativos além da cepa de referência. A porcentagem de inibição variou de 28,84% a 94,75% ⁽⁴⁾. A atividade inibitória no ensaio de difusão em disco do OE de *R. officinalis* foram eficazes na concentração de 100% (v/v) e apresentaram uma boa atividade antagonística em concentração de 0,5% (v/v) nas cepas de *E. coli* ⁽⁵⁾.

O diâmetro da zona de inibição do teste de difusão em disco demonstra que o OE de *R. officinalis* é muito sensível contra *E. coli*. Foi analisado que os valores de MICs (Concentração Inibitória Mínima) e MBCs (Concentração Bactericida Mínima) do OE de *R. officinalis* foram iguais, indicando uma ação bactericida nos valores de MIC. Dessa forma, a atividade antibacteriana é dependente da composição química do OE, das cepas bacterianas testadas e os métodos usados. **Conclusões:** As propriedades antimicrobianas do OE de *R. officinalis* torna-o uma alternativa no controle de infecções por *E. coli*. Contudo, estudos adicionais são necessários para substituir os tratamentos medicinais tradicionais pelo OE de *R. officinalis*.

Palavras-chave: Anti-infecciosos; Infecção por *Escherichia coli*; *Rosmarinus*

Referências

- (1) LORENZO-LEAL, A. C. et al. Antimicrobial, cytotoxic, and anti-inflammatory activities of *Pimenta dioica* and *Rosmarinus officinalis* essential oils. **BioMed research international**, v. 2019, 2019.
- (2) DE OLIVEIRA, J. R.; CAMARGO, S. E. A.; DE OLIVEIRA, L. D. *Rosmarinus officinalis* L.(rosemary) as therapeutic and prophylactic agent. **Journal of biomedical science**, v. 26, n. 1, p. 1-22, 2019.
- (3) PAITAN, Yossi. Current trends in antimicrobial resistance of *Escherichia coli*. **Escherichia coli, a Versatile Pathogen**, p. 181-211, 2018.
- (4) LAGHA, R. et al. Antibacterial and biofilm inhibitory activity of medicinal plant essential oils against *Escherichia coli* isolated from UTI patients. **Molecules**, v. 24, n. 6, p. 1161, 2019.
- (5) ISEPPI, R. et al. Antibacterial activity of *Rosmarinus officinalis* L. and *Thymus vulgaris* L. essential oils and their combination against food-borne pathogens and spoilage bacteria in ready-to-eat vegetables. **Natural product research**, v. 33, n. 24, p. 3568-3572, 2019.





XXVII Semana de Biomedicina "Inovação e Ciência"



ATIVIDADE ANTIPARASITÁRIA DA *Artemisia annua* CONTRA ESPÉCIES DE *Leishmania*

Saulo Brivaldo Mendonça da Silva¹, Fernando Silveira Rocha²

¹Discente de Biomedicina, Universidade Federal de Pernambuco - UFPE
(saulo.brivaldo@ufpe.br)

²Discente de Biomedicina, Universidade Federal de Pernambuco - UFPE
(fernandomedrocha@gmail.com)

Introdução: A *Artemisia annua* é uma planta natural da Ásia e foi introduzida em diversos países ao redor do mundo⁽¹⁾. Conhecida há séculos por suas características medicinais, essa planta pode ser utilizada, por exemplo, na forma de óleo essencial ou pó para auxiliar contra diversas patologias, desde uma simples inflamação até mesmo infecção viral e bacteriana, diabetes e cânceres^(1,3,4). O amplo espectro de ação da *A. annua* se deve ao fato de haver em sua composição metabólitos como artemisinina, flavonóides, terpenóides, cumarinas e saponinas⁽⁴⁾. A *Artemisia annua* possui também ação contra a leishmaniose, uma doença causada por mais de 20 agentes etiológicos intracelulares⁽⁴⁾. Transmitida por insetos dos gêneros *Phlebotomus* e *Lutzomyia* spp, a leishmaniose é considerada uma doença de preocupação global e se divide em três formas, sendo elas a cutânea, mucocutânea e visceral^(2,4). Uma vez que os medicamentos que existem atualmente no mercado possuem graves efeitos colaterais, fez-se necessário o melhor entendimento acerca da ação da *Artemisia annua* sobre as espécies de *Leishmania*⁽⁴⁾. **Objetivos:** Este resumo tem como objetivo analisar a ação anti-leishmania da *Artemisia annua* e em quais formas do parasita essa planta é capaz de atuar. **Métodos:** Foi realizada uma busca nas plataformas de dados PubMed e Google Acadêmico, e os artigos científicos foram encontrados por meio do descritor "artemisia annua AND leishmania". **Resultados:** As folhas da *Artemisia annua* apresentaram ação contra as amastigotas da *Leishmania panamensis*, agente etiológico da leishmaniose cutânea, e não foi observada cito e genotoxicidade⁽⁴⁾. Além disso, as sementes e folhas da *A. annua* mostraram atividade contra promastigotas e amastigotas de *Leishmania donovani*, agente causador da leishmaniose visceral. A ação anti-leishmania ocorreu por meio da ativação da morte celular programada, onde foi possível observar a exteriorização de fosfatidilserina e fragmentos de DNA. Os componentes da *A. annua* identificados na pesquisa foram a cânfora, n-hexano, acetato de alfa-amirina, β -cariofileno e derivados da artemisinina. Ademais, não foi encontrada citotoxicidade nas células de mamíferos^(2,3). **Conclusões:** Em decorrência do que foi exposto, conclui-se que a *Artemisia annua* possui componentes com ação anti-leishmania, provocando a morte de amastigotas e promastigotas. Com isso, é necessário que pesquisas continuem sendo realizadas com a *A. annua* para que mais compostos com potencial contra espécies de *Leishmania* possam ser identificados e, assim, abordagens terapêuticas mais baratas e seguras possam ser aplicadas em indivíduos infectados por esse parasita.

Palavras-chave: Atividade antiparasitária; *Artemisia annua*; *Leishmania*

Referências:

1. FENG, X. *et al.* **Traditional application and modern pharmacological research of *Artemisia annua* L.** *Pharmacology & Therapeutics* (Vol. 216). 2020.
2. ISLAMUDDIN, M. *et al.* **Extracts of *Artemisia annua* leaves and seeds mediate programmed cell death in *Leishmania donovani*.** *Journal of Medical Microbiology* (Vol. 61, 12^a ed., p. 1709-1718). 2012.
3. ISLAMUDDIN, M. *et al.* **Leishmanicidal activities of *Artemisia annua* leaf essential oil against Visceral Leishmaniasis.** *Frontiers in Microbiology* (Vol. 5). 2014.
4. MESA, L.E. *et al.* **In vitro and in vivo antileishmanial activity of *Artemisia annua* L. leaf powder and its potential usefulness in the treatment of uncomplicated cutaneous leishmaniasis in humans.** *Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical* (Vol. 50, 1^a ed., p. 52-60). 2017.





XXVII Semana de Biomedicina "Inovação e Ciência"



AVALIAÇÃO DA PRESENÇA DE BACTÉRIAS RESISTENTES EM AMBIENTES AQUÁTICOS DO BRASIL: UMA REVISÃO DA LITERATURA

Karolaine Moura da Silva¹, Jussara Moura de Lima²

¹Universidade Federal de Pernambuco - UFPE ¹(karolaine.moura@ufpe.br)

²Universidade Federal de Pernambuco - UFPE ²(jussara.moura@ufpe.br)

Introdução: A disseminação de bactérias resistentes nas últimas décadas vem se tornando uma problemática para a saúde pública. Com a crescente quantidade de efluentes orgânicos sendo despejados em corpos d'água, a presença de bactérias resistentes se torna cada vez mais comum nas análises microbiológicas de águas brasileiras⁽¹⁾. Pela falta de saneamento básico, especialmente em localidades rurais, a população acaba fazendo uso de águas sem tratamento prévio⁽²⁾. As principais espécies encontradas nesses ambientes são a *Escherichia coli* e a *Pseudomonas aeruginosa*, ambas muito envolvidas em surtos de bactérias resistentes, levando a um risco à saúde pública. **Objetivos:** Devido a isto, esse trabalho teve como finalidade a análise sobre a presença de bactérias resistentes em ambientes aquáticos de uso humano do Brasil, identificando as principais espécies e as classes de antibióticos que sofrem com a resistência. **Métodos:** Para isso, foram realizadas pesquisas bibliográficas nas quais foram obtidos artigos publicados entre os anos de 2008 e 2021, de onde foram coletados dados de 17 artigos para a elaboração do estudo. As plataformas utilizadas foram: Google Acadêmico, Scielo (Scientific Electronic Library Online) e Periódicos Capes. Os seguintes termos de indexação foram empregados para direcionar a procura: água, resistência e bactéria. **Resultados:** De acordo com as análises realizadas, foi observado que 52,9% da resistência antimicrobiana encontradas foram em bactérias pertencentes a família de *Enterobacteriaceae* nos ambientes aquáticos brasileiros, destacando-se principalmente a *E. coli* (55%) e *K. pneumoniae* (44%). Em uma menor quantidade (23,5%), bactérias gram negativas não fermentadoras também foram encontradas, sendo mais predominante a *P. aeruginosa* (50%). Em relação ao antimicrobiano, a resistência aos antibióticos da classe dos beta-lactâmicos foi a mais presente dentre os estudos (41,2%), seguido por resistência a antimicrobianos de inibição da síntese proteica (35,3%). Além disso, dois casos de bactérias com múltipla resistência foram relatados, sendo de cepas de *E. coli* e *P. aeruginosa*. **Conclusões:** Por meio dos dados obtidos na literatura, foi possível observar a prevalência de resistência em patógenos de grande importância clínica nas amostras de água analisadas. Confirmando assim, o problemático cenário que se encontra a qualidade de ambiente aquáticos brasileiros. Assim, o cuidado com ambiente aquático é imprescindível no controle do surgimento de cepas multirresistentes.

Palavras-chave: água; resistência; antibiótico; Brasil.



Referências:

1. MACEDO, Luiz Henrique Cruz et al. Sensibilidade a antibióticos e metais pesados em *Escherichia coli* e *Klebsiella pneumoniae* isoladas de diferentes fontes de água do Cariri Cearense, Brasil. **Research, Society and Development**, v. 9, n. 9, p. e404997327-e404997327, 2020.
2. DA ROZA, Marcelo Ximenes Teles; ARAÚJO, Jamile Amorim. MODELOS ASSOCIATIVISTAS DE GESTÃO DE SANEAMENTO RURAL. **Revista de Economia Regional, Urbana e do Trabalho**, v. 9, n. 1, p. 125-149, 2020.
3. CHAGAS, Thiago Pavoni Gomes (2011). Detecção de bactérias multirresistentes aos antimicrobianos em esgoto hospitalar no Rio de Janeiro (Dissertação de Mestrado). Instituto Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro, RJ, Brasil.
4. ZAMPIER, Bruna Del Busso et al. Comparison of bacterial densities and resistance in different beach compartments: should water be our main concern?. **O Mundo da Saúde**, v. 40, n. A, p. 461-48, 2017.





XXVII Semana de Biomedicina "Inovação e Ciência"



ESTUDO DA AÇÃO ANTIMICROBIANA DA *Curcuma longa* L. NO COMBATE AO *Staphylococcus aureus*: UMA REVISÃO

Tayonara dos Santos Melo¹, Abigail Eduarda de Miranda Magalhães², Auygna Pamyda Gomes da Silva³, Eniete Livia da Silva⁴, Hévellin Talita Sousa Lins⁵, Maria Amélia Paiva Ferruccio⁶, Maria da Paz Rodrigues Silva⁷, Tuarne dos Santos Melo⁸

¹Universidade Federal de Pernambuco¹ (tayonaramelo@gmail.com)

²Centro Universitário Boa Viagem² (abimiranda00@gmail.com)

³Universidade Federal de Pernambuco³ (auygna@gmail.com)

⁴Universidade Federal de Pernambuco⁴ (eniete_livia@hotmail.com)

⁵Centro Universitário FBV Wyden⁵ (hevellyn.talita@gmail.com)

⁶Universidade Federal de Pernambuco⁶ (miaferruccio@gmail.com)

⁷Universidade Federal Rural de Pernambuco⁷ (ardapaz@gmail.com)

⁸Instituto Aggeu Magalhães – FIOCRUZ PE⁸ (tuarne_melo17@hotmail.com)

Introdução: A *Curcuma longa* L. pertence ao grupo das plantas de especiarias mais antigas cultivadas nos países do sudeste asiático. A *Curcuma* é utilizada como condimento e apresenta efeitos sobre a natureza, a cor e o sabor dos alimentos ⁽¹⁾. Além disso, possui aplicações terapêuticas e apresenta efeitos antioxidante, antitumoral, antimicrobiano, anti-inflamatório, cicatrizante e gastoprotetor ⁽²⁾. O *Staphylococcus aureus* é um patógeno humano oportunista que causa doenças em ambientes comunitários e hospitalares ⁽³⁾. As infecções causadas por *S. aureus* multirresistente são responsáveis por alta mortalidade e morbidade em todo o mundo. Com isso exige o desenvolvimento de novas estratégias para sua prevenção e tratamento ^(4, 5). **Objetivos:** Produzir uma revisão bibliográfica sobre a atividade antimicrobiana da *Curcuma longa* frente à *Staphylococcus aureus*. **Métodos:** Trata-se de uma revisão de literatura integrativa. Utilizaram-se artigos obtidos nas bases de dados: BVS, PubMed e SciELO. Os descritores consultados foram “*Curcuma*” e “*Staphylococcus aureus*”. Os artigos selecionados foram publicados em inglês no período de 2016 a 2021. **Resultados:** Foram obtidos 70 artigos inicialmente e ao final foram selecionados 10 artigos que atenderam aos objetivos do estudo. Entre os trabalhos observou-se que a *C. longa* possui propriedades antimicrobianas e apresenta efeito inibitório frente à *S. aureus*. A curcumina demonstrou efeitos muito altos contra cepas clínicas de *S. aureus* sensível à metilina. Além disso, nanopartículas de curcumina demonstraram efeito antimicrobiano nas cepas de *S. aureus* testadas. Observou-se que as nanopartículas de prata com curcumina mostraram mais eficácia contra bactérias gram-negativas do que para bactérias gram-positivas, como o *S. aureus*. Foi analisado que curcumina e/ou o co-tratamento com ácido ascórbico causou peroxidação lipídica em *S. aureus* e por extensão levou a danos no DNA. Além do mais, a nanorcurcumina exibiu atividades antimicrobianas mais potentes contra o *S. aureus* em comparação com a curcumina. O extrato de *C. longa* inibiu *S. aureus* e demonstrando ser uma especiaria com capacidade de controle bacteriano. Entretanto, um trabalho não mostrou boa atividade antimicrobiana para *S. aureus* e isso pode estar relacionado à concentração e o método de obtenção dos extratos utilizados.

Alguns monocurcuminóides, em altas concentrações, exerceram efeito bactericida em *S. aureus*. Enquanto o óleo essencial da *C. longa* provocou hemólise e inibiu *S. aureus*. **Conclusões:** A *C. longa* pode ser considerada um agente anti-infeccioso promissor e pode ser utilizada no controle de infecções por *S. aureus*. Contudo, estudos adicionais são necessários para a produção de novos antimicrobianos com *C. longa*.

Palavras-chave: Anti-infecciosos; *Curcuma*; Infecção por *Staphylococcus aureus*

Referências

- (1) KOCAADAM, B.; ŞANLIER, N. Curcumin, an active component of turmeric (*Curcuma longa*), and its effects on health. **Critical reviews in food science and nutrition**, v. 57, n. 13, p. 2889-2895, 2017.
- (2) SOLEIMANI, V.; SAHEBKAR, A.; HOSSEINZADEH, H. Turmeric (*Curcuma longa*) and its major constituent (curcumin) as nontoxic and safe substances. **Phytotherapy Research**, v. 32, n. 6, p. 985-995, 2018.
- (3) VAN DALEN, R.; PESCHEL, A.; VAN SORGE, N. M. Wall teichoic acid in *Staphylococcus aureus* host interaction. **Trends in microbiology**, v. 28, n. 12, p. 985-998, 2020.
- (4) BISPO, M. et al. Fighting *Staphylococcus aureus* infections with light and photoimmunoconjugates. **JCI insight**, v. 5, n. 22, 2020.
- (5) MROCHEN, D. M. et al. *Staphylococcus aureus* host tropism and its implications for murine infection models. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 21, n. 19, p. 7061, 2020.





XXVII Semana de Biomedicina "Inovação e Ciência"



ESTUDOS DA ATIVIDADE ANTIMICROBIANA DA ESPÉCIE *Plantago major* L.: UMA REVISÃO INTEGRATIVA

Auygna Pamyda Gomes da Silva¹, Abigail Eduarda de Miranda Magalhães², Maria Amélia Paiva Ferruccio³, Tayonara dos Santos Melo⁴, Tuanne dos Santos Melo⁵

¹Universidade Federal de Pernambuco¹ (auygna@gmail.com)

²Centro Universitário Boa Viagem² (abimiranda00@gmail.com)

³Universidade Federal de Pernambuco³ (miaferruccio@gmail.com) ⁴Universidade Federal de Pernambuco⁴ (tayonaramelo@gmail.com)

⁵Instituto Aggeu Magalhães – FIOCRUZ PE⁵ (tuanne_melo17@gmail.com)

Introdução: A *Plantago major* L. é popularmente conhecida como tanchagem, pertence à família Plantaginacea. Tem estrutura perene com folhas rosetadas, as flores e folhas jovens são comestíveis. Utilizada na medicina popular para o tratamento de lesões na pele, gengivite, abscessos, dor de dente. Possui grande variedade de bioativos como alcalóides, terpenos, flavonóides, vitaminas. A sua atividade funcional é relacionada a presença desses compostos químicos.⁽¹⁾ **Objetivos:** Realizar um levantamento bibliográfico para identificar a atividade antimicrobiana de *P. major*. **Métodos:** Trata-se de uma revisão bibliográfica do tipo integrativa realizada por busca nas bases de dados Pubmed, SciELO e BVS, trabalhos indexados no período de 2016 a 2021. Foram utilizados para busca dos artigos os seguintes descritores "*Plantago major*" e "*antimicrobial*". Como critério de inclusão foram pesquisados artigos em inglês, espanhol e português, disponíveis na íntegra, estudos com informações referentes ao uso da espécie como agente antimicrobiano. Os critérios de exclusão foram os artigos duplicados, revisões bibliográficas. **Resultados:** Foram encontrados 18 artigos, após realizar uma análise criteriosa do material, foram incluídos na revisão 6 trabalhos. Um dos trabalhos sugeriu a utilização de extrato de *P. major* como enxaguante bucal para o tratamento de mucosite oral.⁽²⁾ Em outro estudo a aplicação do extrato de *P. major* mostrou atividade antibacteriana contra *Pseudomonas tolaasii*, resultando um maior diâmetro inibitório. Também apresentou inibição de crescimento contra *Pseudomonas aeruginosa* utilizando a técnica de disco, com o aparecimento de halos de inibição de crescimento maiores que 1 cm. No ensaio de citotoxicidade, o grau de hemólise foi classificado como baixo (5%), logo, indicando a segurança no uso da tanchagem⁽³⁾ Utilizando sementes de *P. major* aplicadas em nanopartículas apresentou atividade aceitável contra *Micrococcus luteus*, *Escherichia coli* e *Penicillium digitatum*. Além desses patógenos, outro estudo evidenciou que o extrato etanólico (75%;100%) de tanchagem apresentou efeito antibacteriano *in vitro* contra *Porphyromonas gingivalis*, apresentando halos de inibição.⁽⁴⁾ Também foi obtido resultados contra *Cândida albicans*, aplicando extrato de *P. major*, com aucubina e baicaleína, atuando na hidrofobicidade de *C. albicans*, demonstrando eficácia como antifúngico, sugerindo ser um potencial promissor para infecções relacionadas ao biofilme por *C. Albicans*.⁽⁵⁾ **Conclusões:** A partir desses resultados é possível identificar a possibilidade do uso de



Plantago major para fins terapêuticos, fitoterápicos ou nutricionais sendo necessário realizar mais estudos quanto a sua atividade antimicrobiana além de testes quanto à sua toxicidade.

Palavras-chave: Antimicrobiano Natural; Plantaginaceae; Tanchagem;

Referências

1. ADOM, Muhammad Bahrain et al. Chemical constituents and medical benefits of *Plantago major*. **Biomedicine & Pharmacotherapy**, v. 96, p. 348-360, 2017.
2. CABRERA-JAIME, Sandra et al. Efficacy of *Plantago major*, chlorhexidine 0.12% and sodium bicarbonate 5% solution in the treatment of oral mucositis in cancer patients with solid tumour: A feasibility randomised triple-blind phase III clinical trial. **European Journal of Oncology Nursing**, v. 32, p. 40-47, 2018.
3. MORENO, Andréia de Haro et al. Avaliação da atividade antimicrobiana e citotoxicidade hemolítica em diferentes extratos vegetais. **Arquivos de Ciências da Saúde**, [S.l.], v. 25, n. 1, p. 11-12, abr. 2018. ISSN 2318-3691. Disponível em:<<https://www.cienciasdasaude.famerp.br/index.php/racs/article/view/1172>>. Acesso em: 31 ago. 2021. doi: <https://doi.org/10.17696/2318-3691.25.1.2018.1172>.
4. PENSANTES-SANGAY, Sandra Jessenia et al. Chemical composition and antibacterial effect of *Plantago Major* Extract on periodontal pathogens. **Pesquisa Brasileira em Odontopediatria e Clínica Integrada**, v. 20, 2020.
5. SHIRLEY, Karina Pezo et al. In vitro effects of *Plantago major* extract, aucubin, and baicalein on *Candida albicans* biofilm formation, metabolic activity, and cell surface hydrophobicity. **Journal of Prosthodontics**, v. 26, n. 6, p. 508-515, 2017.



XXVII Semana de Biomedicina "Inovação e Ciência"



MECANISMO DE EVASÃO IMUNOLÓGICA DO *Mycobacterium tuberculosis* PELA ATIVAÇÃO DO RECEPTOR DC-SIGN

Mariana Souza Bezerra Cavalcanti¹ Letícia Eduarda de Oliveira² Maria Eduarda de Albuquerque Borborema³ Jaqueline de Azevêdo Silva⁴

¹ Discente de Biomedicina, Universidade Federal de Pernambuco - UFPE
(mariana.souzacavalcanti@ufpe.br)

² Discente de Biomedicina, Universidade Federal de Pernambuco - UFPE
(leticia.eoliveira@ufpe.br)

³ Doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Genética (PPGG), Universidade Federal de Pernambuco – UFPE
(eduarda.borborema@ufpe.br)

⁴ Professora do Departamento de Genética da Universidade Federal de Pernambuco – UFPE
(jaqueline.azevedo@ufpe.br)

Introdução: O *Mycobacterium tuberculosis* (*Mtb*) é o agente etiológico causador da tuberculose (TB), doença endêmica em diversos países que apenas em 2019 afetou cerca de 10 milhões de pessoas em todo o mundo⁽¹⁾. O mecanismo crucial para o sucesso do *Mtb* na infecção é a inibição da formação do fagolisossoma após a sua fagocitose pelos macrófagos⁽²⁾. Porém existem outros meios pelo qual esse patógeno pode escapar da ação do sistema imunológico e um deles é através da indução de uma resposta anti-inflamatória pela liberação da interleucina -10 (IL-10), por ativação do receptor de lectina do tipo-C (CLR) DC-SIGN. Também conhecido por CD209, este receptor é expresso principalmente pelas células dendríticas e macrófagos^(2,3,5).

Objetivos: Descrever o mecanismo de evasão imunológica realizado pelo *Mycobacterium tuberculosis* após reconhecimento pelo receptor DC-SIGN. **Métodos:** Pesquisa literária nos bancos de dados PubMed e Google Acadêmico, utilizando os descritores em inglês “DC-SIGN and tuberculosis” durante o período de 30 de agosto a 4 de setembro de 2021. **Resultados:** O *Mtb* apresenta em sua parede celular o fator de virulência ManLAM, um lipoglicano encurtado com vários motivos de manose que age de forma essencial para a mudança na resposta imunológica⁽⁴⁾. Os CLRs, como o DC-SIGN, possuem componentes extracelulares chamados de CRDs (domínios de reconhecimento de carboidrato) capazes de reconhecer diversos carboidratos presentes nos padrões moleculares (PAMPs) expressos pelos patógenos. O DC-SIGN por sua vez apresenta um único CRD que reconhece estruturas contendo manose e fucose^(2,3,4), assim, a manose no ManLAM interage com este receptor induzindo a liberação da interleucina 10, gerando resposta anti-inflamatória, e inativação da diferenciação dendrítica^(2,3,4,5). Além disso, quando ativado junto com o Toll-Like Receptor 4 (TLR-4), neutraliza a resposta desse receptor através da inibição da expressão da citocina pró-inflamatória IL-12^(2,3,4,5). **Conclusões:** Ao induzir resposta com expressão da citocina anti-inflamatória IL-10 e inibição da resposta pró-inflamatória por meio do reconhecimento pelo DC-SIGN, o *Mtb* induz um desbalanço no equilíbrio imune, dessa forma favorecendo o ambiente para a sua sobrevivência.

Assim, faz-se de grande importância a continuidade dos estudos sobre as interações do *Mycobacterium tuberculosis* com este receptor de forma que fique mais elucidado o impacto tanto molecular quanto no desenvolvimento clínico da doença, incluindo o seu efeito em co-infecções.

Palavras-chave: *Mycobacterium tuberculosis*; DC-SIGN; Evasão imunológica.

Referências:

1. BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. **Tuberculose: Boletim Epidemiológico**. Número Especial. 2021
2. EHLERS, S. **DC-SIGN and mannosylated surface structures of *Mycobacterium tuberculosis*: a deceptive liaison**. *European Journal of Cell Biology* (Vol. 89, Issue 1). 2010
3. LUGO-VILLARINO, G. *et al.* . **The C-type lectin receptor DC-SIGN has an anti-inflammatory role in Human M (IL-4) macrophages in response to *Mycobacterium tuberculosis***. *Frontiers in Immunology*, 9(JUN). 2018
4. TURNER, J. TORRELLES, J. B. **Mannose-capped lipoarabinomannan in *Mycobacterium tuberculosis* pathogenesis**. *Pathogens and Disease* (Vol. 76, Issue 4). 2018
5. VAN KOOYK, Y. GEIJTENBEEK, T. B. H. **DC-SIGN: Escape mechanism for pathogens**. *Nature Reviews Immunology* (Vol. 3, Issue 9). 2003





XXVII Semana de Biomedicina "Inovação e Ciência"



O IMPACTO DO LEISHMANIA VÍRUS DE RNA NA LEISHMANIOSE MUCOCUTÂNEA

Ana Barbara Xavier Da Silva¹ Mariana Souza Bezerra Cavalcanti² Maria Clara Cavalcante Gomes³ Nathaly Bruna de Oliveira Silva⁴ João Lucas Pessoa de Vasconcelos⁵ Saulo Brivaldo Mendonça da Silva⁶

¹Discente de Biomedicina, Universidade Federal De Pernambuco - UFPE.
(barbara.xavier@ufpe.br)

²Discente de Biomedicina, Universidade Federal De Pernambuco - UFPE.
(mariana.souzacavalcanti@ufpe.br)

³Discente de Biomedicina, Universidade Federal De Pernambuco - UFPE.
(clara.cavalcanteg@ufpe.br)

⁴Discente de Biomedicina, Universidade Federal de Pernambuco - UFPE
(nathaly.bruna@ufpe.br)

⁵Discente de Biomedicina, Universidade Federal de Pernambuco - UFPE
(joao.pvasconcelos@ufpe.br)

⁶Discente de Biomedicina, Universidade Federal de Pernambuco - UFPE
(saulo.brivaldo@ufpe.br)

Introdução: A leishmaniose tegumentar é uma doença tropical negligenciada transmitida pela picada de flebotomíneos infectados por espécies de leishmania e estima-se que ocorram 1.5 milhão de casos por ano.^(1,2,4) A doença se manifesta de diferentes formas e uma delas é a leishmaniose mucocutânea (LMC) causada principalmente pelas espécies *L. braziliensis*, *L. guyanensis* e *L. panamensis* do subgênero Leishmania (Viannia), e é caracterizada por lesões destrutivas na mucosa da boca e do nariz, podendo levar à metástases.^(1,3) O Leishmania vírus (LVR) é um vírus de RNA de fita dupla que pertence à família Totiviridae, possui dois subtipos, o LRV1 e o LRV2 e já foi encontrado em várias espécies de leishmania, como *L. guyanensis*, *L. braziliensis*, *L.shawi*, *L.major*, *L.aethiopica* e *L. infantum*.⁽⁵⁾ Primariamente encontrado na *L. guyanensis*, o LVR foi isolado e inoculado em um hamster que apresentou o desenvolvimento de injúrias na mucosa, levantando a hipótese de que esse vírus pode impactar no aumento da patogenicidade da doença.⁽¹⁾

Objetivos: O resumo tem o objetivo de analisar o impacto da infecção das espécies de leishmania pelo LVR na LMC. **Métodos:** A pesquisa bibliográfica foi realizada em plataformas de busca de artigos científicos, PubMed, Scielo e Nature, com os descritores "Leishmania virus AND Leishmaniasis". **Resultados:** Em um estudo com 49 pacientes com LMC de Rondônia no Brasil, 67% eram positivos para o LVR (LVR+) e 33% negativos (LVR-), dos pacientes LVR+, 31% desenvolveram lesão em contraste com 10% dos LVR-.⁽²⁾ Ainda em Rondônia, outro estudo analisou 28 pacientes com LVR1, que apresentavam lesões e eram positivos para LMC, destes, 71,1% eram LVR+ e 18,9% eram LVR-.⁽¹⁾ Em um estudo utilizando camundongos e cepas de *L. guyanensis* positivas (L.g+) e negativas (L.g-) para o LVR, foi demonstrado que os camundongos L.g+ possuíam aumento no desenvolvimento de lesões e maior carga parasitária na orelha do que os L.g-.⁽²⁾

Conclusões: A presença do LVR em pacientes com LMC pode contribuir para a identificação da gravidade da doença já que estudos apontam que pacientes LVR+ têm mais chances de desenvolver lesões do que os LVR-, apesar disso, não é um fator determinante uma vez que pacientes LVR- também podem apresentar lesões.^(1,4) Além disso, outros fatores como o tipo da espécie de leishmania e o subtipo do vírus podem estar associados.^(1,4)

Palavras-chaves: Leishmaniose mucocutânea; Leishmania vírus; Lesões mucocutâneas.

Referências

1. CANTANHÊDE, Lilian. et. al. **Further Evidence of an Association between the Presence of Leishmania RNA Virus 1 and the Mucosal Manifestations in Tegumentary Leishmaniasis Patients.** 2015.
2. DE CARVALHO, Renan. et. al. **Leishmania RNA virus exacerbates Leishmaniasis by subverting innate immunity via TLR3-mediated NLRP3 inflammasome inhibition.** Nature Communications. 2019.
3. HARTLEY, Mary-Anne. et. al. **Leishmania RNA virus: when the host pays the toll.** Cellular and Infection Microbiology. 2012.
4. ITO, Marcos. **Correlation between presence of Leishmania RNA virus 1 and clinical characteristics of nasal mucosal leishmaniasis.** Brazilian Journal of Otorhinolaryngology. 2015.
5. NALÇACI, Muhammed. **Detection of Leishmania RNA virus 2 in Leishmania species from Turkey.** Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene. 2019.





XXVII Semana de Biomedicina "Inovação e Ciência"



UTILIZAÇÃO DA TERAPIA FOTODINÂMICA NO CONTROLE DOS BIOFILMES MICROBIANOS

Sandro Matheus Albuquerque da Silva¹, Artur José da Silva², Maria Eduarda de Alencar Barreto³, Bárbara Silva Gonzaga⁴, Brenda da Silva Araújo⁵, Eduarda Santos Silva⁶, Bárbara Lacerda Carvalho⁷.

¹Universidade Federal de Pernambuco¹ (sandromatheus.ads@gmail.com)

²Universidade Federal de Pernambuco² (artur.jsilva@ufpe.br)

³Universidade Federal de Pernambuco³ (eduardaodonto2019.2@gmail.com)

⁴Universidade Federal de Pernambuco⁴ (barbara.gonzaga@ufpe.br)

⁵Universidade Federal de Pernambuco⁵ (brendaaraujoodontologia@gmail.com)

⁶Universidade Federal de Pernambuco⁶ (eduardasts@outlook.com)

⁷Universidade Federal de Pernambuco⁷ (barbara.lacerda@ufpe.br)

Introdução: Os biofilmes são comunidades microbianas organizadas em uma matriz, autogerada ou gerada pelo hospedeiro, de substâncias poliméricas extracelulares, encontradas na superfície biológicas ou não biológicas^(1,2). A formação do biofilme é um elemento essencial para a sobrevivência do patógeno em ambientes adversos, tornando as infecções mais resistentes e difíceis de erradicar. Portanto, torna-se imprescindível o desenvolvimento de novas técnicas na luta contra infecções por biofilmes⁽²⁾. A Terapia Fotodinâmica é uma técnica que envolve um fotossensibilizador e uma fonte de luz, a qual, no comprimento de onda adequado e na presença de oxigênio, propicia a formação de espécies reativas de oxigênio, que por sua vez, causa danos nas estruturas microbianas, resultado na morte celular. Deste modo, tal técnica apresenta-se como promissora no controle de biofilmes microbianos^(3,4).

Objetivos: Demonstrar a eficiência do uso da Terapia Fotodinâmica no controle dos biofilmes microbianos. **Métodos:** Realizou-se uma busca exploratória nos bancos de dados PubMed e Biblioteca Virtual em Saúde (BVS), utilizando os descritores Fotoquimioterapia, Biofilmes e Terapia Fotodinâmica. Os critérios de inclusão foram: artigos publicados nos últimos 5 anos, nas línguas portuguesa, inglesa ou espanhola e que atenderam ao tema, excluindo-se, portanto, artigos que não abordaram o tema e que superaram o período temporal estabelecido. **Resultados:** A Terapia Fotodinâmica, ao gerar as espécies reativas de oxigênio, consegue atingir o biofilme de várias maneiras e em suas diversas moléculas, degradando-o. Esta técnica ataca o biofilme em três fontes distintas: os elementos presentes na matriz do biofilme, os componentes das membranas celulares e as moléculas presentes no citoplasma das células, portanto, a eliminação bem-sucedida de biofilmes pode ser atribuída aos efeitos sinérgicos dos danos nessas três frentes⁽²⁾. Os estudos mostraram que o uso da Terapia Fotodinâmica tem um efeito significativo na destruição microbiana e, por conseguinte, do biofilme, inclusive em biofilmes multiespécies, resultando na redução da viabilidade celular e da matriz⁽³⁾. Portanto, a Terapia Fotodinâmica mostrou-se como uma potencial técnica no combate dos biofilmes microbianos e, por conseguinte das infecções causadas pelos mesmos, contribuindo, deste modo, para a microbiologia clínica⁽¹⁾.

Conclusões: Depreende-se, portanto, que o uso da Terapia Fotodinâmica no controle de biofilmes microbianos demonstra resultados positivos, já que, através dos seus mecanismos é possível obter-se o decaimento dos microrganismos e, conseqüentemente, redução dos biofilmes e dos danos à eles atribuídos, entretanto, mais estudos ainda devem ser realizados para corroborar os achados literários, sobretudo pela evolução bacteriana constante.

Palavras-chave: Terapia Fotodinâmica; Fotoquimioterapia; Biofilmes.

Referências:

1. WARRIER, Anjali *et al.* Photodynamic therapy to control microbial biofilms. **Photodiagnosis and photodynamic therapy**, [s. l.], v. 33, n. 102090, 2020. Disponível em: <https://pesquisa.bvsalud.org/portal/resource/pt/mdl-33157331>. Acesso em: 07 set. 2021.
2. HU, Xiaoqing *et al.* Antimicrobial photodynamic therapy to control clinically relevant biofilm infections. **Frontiers in microbiology**, [s. l.], v. 9, n. 1299, 2018. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/29997579/>. Acesso em: 07 set. 2021.
3. GONG, Jungeun *et al.* Effect of photodynamic therapy on multispecies biofilms, including *Streptococcus mutans*, *Lactobacillus casei*, and *Candida albicans*. **Photobiomodulation, photomedicine, and laser surgery**, [s. l.], v. 37, n. 5, p. 282-287, 2019. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31084564/>. Acesso em: 07 set. 2021.
4. BAIR, Kirsten L.; SHAFIRSTEIN, Gal; CAMPAGNARI, Anthony A. In vitro Photodynamic Therapy of Polymicrobial Biofilms Commonly Associated With Otitis Media. **Frontiers in Microbiology**, [s. l.], v. 11, n. 2127, 2020. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32983076/>. Acesso em: 07 set. 2021





XXVII Semana de Biomedicina "Inovação e Ciência"



ÍNDICE DE SELETIVIDADE DA *Chlorella vulgaris*: UMA ANÁLISE PRELIMINAR DO POTENCIAL TERAPÊUTICO PARA A LEISHMANIOSE TEGUMENTAR AMERICANA

Maria Gabriella Nunes de Melo¹; Isabelle Barreto da Silva Moreira Reino³; Victor Vaitkevicius Antão de Souza²; Jady Moreira da Silva³; Rayana Carla Silva De Moraes⁵; Alexsandra Frazão de Andrade⁴; Raquel Pedrosa Bezerra⁴; Milena de Paiva Cavalcanti⁵

¹ Acadêmica de Pós-Graduação (Mestrado) em Biociências e Biotecnologia em Saúde; Departamento de Microbiologia, Instituto Aggeu Magalhães (IAM/FIOCRUZ).

Email: mariagabriella_melo@hotmail.com

² Acadêmico de Pós-Graduação (Doutorado) em Biociências e Biotecnologia em Saúde; Departamento de Microbiologia, Instituto Aggeu Magalhães (IAM/FIOCRUZ).

Email: victorvaitkeantao@gmail.com

³ Acadêmica de Graduação em Biomedicina; Universidade Federal de Pernambuco (UFPE).

Email: isabelle.reino@hotmail.com; jadymoreiras@gmail.com

⁴ Centro de Apoio à Pesquisa, Universidade Federal Rural de Pernambuco (CENAPESQ/UFRPE).

Email: alexsandrafrazao84@gmail.com; rpbezerra@yahoo.com.br

⁵ Departamento de Microbiologia, Instituto Aggeu Magalhães (IAM/FIOCRUZ).

Email: milena.cavalcanti@fiocruz.br; rayanacarla_m@hotmail.com

Introdução: O regime terapêutico utilizado no tratamento da Leishmaniose Tegumentar Americana (LTA) é direcionado apenas para morte do parasito, não exerce influência sobre a resposta imune do hospedeiro ^(1, 2). Desta forma, é essencial desenvolver novos alvos terapêuticos que possam estabelecer uma modulação entre os perfis Th1 (inflamação/proteção) e Th2 (susceptibilidade a infecção), para uma futura cura clínica ⁽³⁾. Estudos com produtos naturais, como a microalga *Chlorella vulgaris* (CV), estão sendo considerados promissores por apresentarem potencial para atividades terapêuticas e antiparasitárias ^(4, 5), com facilidade e baixo custo de produção. **Objetivo:** Assim, o objetivo deste estudo é avaliar *in vitro* o preliminar potencial terapêutico da *C. vulgaris* pela obtenção do Índice de Seletividade (IS). **Métodos:** O extrato de CV foi obtido após cultivo, por sonicação. Para obtenção do IS, utilizou-se Células Mononucleares do Sangue Periférico (PBMC) de humanos, para a determinação da Concentração Citotóxica de 50% (CC₅₀), pelo método de MTT, e ensaios de concentração inibitória de 50% (IC₅₀), em células promastigotas de *Leishmania braziliensis*, através de contagem celular por microscopia óptica. Ambos os ensaios foram tratados com o extrato de CV e as drogas de referência (DR) (antimoniato pentavalente [Sb^V] e miltefosina), em concentrações seriadas entre 1000µg/mL e 62,5µg/mL para a CC₅₀, entre 500µg/mL e 0,1 µg/mL para a IC₅₀. O valor de IS foi determinado pela razão entre a CC₅₀ e IC₅₀. **Resultados:** Para os ensaios de CC₅₀ em PBMC humano, verificou-se baixa toxicidade demonstrada pela elevada viabilidade celular com o extrato de CV (999,66µg/ml), quando comparado com as DR (Sb^V= 412,46µg/ml e Miltefosina=159,49µg/ml). Além disso, a IC₅₀ do extrato de CV (144,93µg/ml) apresentou baixa toxicidade para a *L. braziliensis*, com dados próximos ao do Sb^V (119,76µg/ml), mas a Miltefosina (IC₅₀=1,02µg/mL) apresentou uma maior atividade leishmanicida, porém foi o mais tóxico para células humanas.



O IS do extrato de CV (IS=6,9) obteve resultado superior ao do Sb^v(IS=3,44), apresentando maior seletividade contra o parasito e menor toxicidade para as células humanas, e a miltefosina possui o maior valor, sendo 100 vezes mais seletivo para o parasito. **Conclusões:** Portanto, com base nos dados obtidos o extrato de CV, não tóxico para células humanas e seletivo contra o parasito, possui potencial para futuros estudos *in vivo* com base no desenvolvimento de novas terapias contra LTA.

Palavras-chave: Nova terapia; produto natural; microalga; *Leishmania braziliensis*.

Apoio financeiro: FIOCRUZ/CNPq.

Aprovação do Comitê de Ética em Pesquisa (CEP-IAM): 4.077.060.

Referências:

- ¹ MELO, M. G. N. et al. Clinical and epidemiological profiles of patients with American cutaneous leishmaniasis from the states of Pernambuco and Amazonas, Brazil. **Rev. Soc. Bras. Med. Trop.**, Uberaba, v. 53, p. 1-8, e20200083, 2020.
- ² BRASIL. Secretaria de vigilância em Saúde. **Manual de Vigilância da Leishmaniose Tegumentar Americana**. 3. ed. rev. atual. Brasília: Ministério da Saúde; 2017.
- ³ CAMPOS, T. M. et al. Cytotoxic activity in cutaneous leishmaniasis. **Memórias do Instituto Oswaldo Cruz**, Rio de Janeiro, v. 112, n. 11, p.733-740, 2017.
- ⁴ ZIELINSKI, D. et al. Biological Activity of Hydrophilic Extract of *Chlorella vulgaris* Grown on Post-Fermentation Leachate from a Biogas Plant Supplied with Stillage and Maize Silage. **Molecules**, Switzerland, v. 25, n. 8, 1790, 2020.
- ⁵ PANAHI, Y. et al. *Chlorella vulgaris*: a multifunctional dietary supplement with diverse medicinal properties. **Current Pharmaceutical Design**, United Arab Emirates, v. 22, n. 2, p. 164-173, 2016.





XXVII Semana de Biomedicina "Inovação e Ciência"



OCORRÊNCIA DE *bla*_{KPC} E *bla*_{VIM} EM ISOLADOS DE *Pseudomonas aeruginosa* MULTIDROGA RESISTENTES PROVENIENTES DE INFECÇÃO EM PACIENTES DE UM HOSPITAL PÚBLICO EM RECIFE-PE.

Érica Maria de Oliveira¹, Nathaly Bruna de Oliveira Silva² e Ana Catarina de Souza Lopes³.

¹ Departamento de Medicina Tropical, UFPE (erica-oliveira@outlook.com)

² Departamento de Medicina Tropical, UFPE (nathaly.bruna@ufpe.br)

³ Departamento de Medicina Tropical, UFPE (ana.slopes.ufpe@gmail.com)

Introdução: *Pseudomonas aeruginosa* é uma bactéria gram negativa oportunista considerada uma séria ameaça à saúde pública e são responsáveis por uma variedade de Infecções Relacionadas à Assistência à Saúde (IRAS), como pneumonias, infecções em tecidos moles, no trato urinário, e bacteremias⁽¹⁾. A emergência de *P. aeruginosa* resistentes aos carbapenêmicos, produtora de carbapenemases, dificulta ainda mais o tratamento e são associadas a altas taxas de mortalidade⁽²⁾. **Objetivos:** O objetivo desse estudo foi analisar o perfil de susceptibilidade bem como detectar a presença dos genes de resistência para carbapenemases (*bla*_{KPC}, *bla*_{NDM}, *bla*_{VIM}, *bla*_{IMP} e *bla*_{GES}) em dois isolados de *P. aeruginosa* (Ps1-A2 e Ps2-A2) provenientes de secreção traqueal e ponta de cateter respectivamente, de dois pacientes de um hospital público de Recife-PE no ano de 2021. **Métodos:** A identificação bioquímica e o perfil de susceptibilidade dos isolados foi realizada através do sistema automatizado BD Phoenix™. O DNA total foi extraído utilizando o kit comercial Wizard genomic DNA Purification e a pesquisa dos genes de resistência foram realizadas por Reação em Cadeia da Polimerase (PCR). **Resultados:** O isolado Ps1-A2 foi resistente a todos os antibióticos testados, com exceção da polimixina B. Já o isolado Ps2-A2 apresentou sensibilidade a ampicilina, gentamicina e polimixina B. Os genes *bla*_{NDM}, *bla*_{IMP} e *bla*_{GES} não foram detectados. O gene *bla*_{KPC} foi detectado no isolado Ps2-A2, e o isolado Ps1-A2 apresentou simultaneamente os genes *bla*_{KPC} e *bla*_{VIM}. A concomitância desses genes merece destaque pelo acúmulo desses mecanismos genéticos de resistência em uma mesma espécie bacteriana. **Conclusão:** Os genes para carbapenemases detectados nos isolados de *P. aeruginosa*, revelam o grande potencial dessa espécie em adquirir e consequentemente disseminar esses mecanismos de resistência no ambiente hospitalar. Precisamos considerar isso como um grande problema de saúde pública, levando em conta as limitações terapêuticas para tratar as infecções causadas por essa espécie. Sendo assim, devemos ressaltar a importância da detecção dessas enzimas nos laboratórios de microbiologia para que sejam adotadas medidas de controle e prevenção da disseminação desses microrganismos multirresistentes⁽³⁾.

Palavra-chave: *Pseudomonas aeruginosa*; Resistência; carbapenemases;



Referências:

1. Agência Nacional de Vigilância Sanitária, **ANVISA**. Nota Técnica No.01/2021: Identificação de *Pseudomonas aeruginosa* resistente a carbapenêmicos, produtora de KPC e NDM, em 01 de setembro de 2021.
2. PACHECO, Tatiana et al. *Pseudomonas aeruginosa* coharboring blaKPC-2 and blaVIM-2 carbapenemase genes. **Antibiotics**, v. 8, n. 3, p. 98, 2019.
3. SCAVUZZI, Alexandra Maria Lima et al. Emergence of blaVIM-2, blaNDM-1, blaIMP-7 and blaGES-1 in blaKPC-2-harboring *Pseudomonas aeruginosa* isolates in Brazil. **Journal of global antimicrobial resistance**, v. 19, p. 181-182, 2019.





XXVII Semana de Biomedicina "Inovação e Ciência"



USO DA TOXINA BOTULÍNICA COMO TERAPIA COADJUVANTE EM PACIENTES COM DOENÇA DE PARKINSON, DISFUNÇÕES TEMPOROMANDIBULARES E BRUXISMO

Maria Clara Cavalcante Gomes¹, Nathaly Bruna de Oliveira Silva², João Lucas Pessoa de Vasconcelos³, Saulo Brivaldo Mendonça da Silva⁴, Mariana Souza Bezerra Cavalcanti⁵, Ana Bárbara Xavier da Silva⁶

¹Discente de Biomedicina, Universidade Federal de Pernambuco - UFPE
(clara.cavalcanteg@ufpe.br)

²Discente de Biomedicina, Universidade Federal de Pernambuco - UFPE
(nathaly.bruna@ufpe.br)

³Discente de Biomedicina, Universidade Federal de Pernambuco - UFPE
(joao.pvasconcelos@ufpe.br)

⁴Discente de Biomedicina, Universidade Federal de Pernambuco - UFPE
(saulo.brivaldo@ufpe.br)

⁵Discente de Biomedicina, Universidade Federal de Pernambuco - UFPE
(mariana.souzacavalcanti@ufpe.br)

⁶Discente de Biomedicina, Universidade Federal de Pernambuco - UFPE
(barbara.xavier@ufpe.br)

Introdução: A toxina botulínica é uma neurotoxina produzida pelo *Clostridium botulinum*, causador do botulismo, doença neuromuscular grave^(1,3). Esta, é uma proteinase de zinco que realiza a clivagem de proteínas associadas a vesículas neuronais, responsáveis pela liberação de acetilcolina na junção neuromuscular⁽¹⁾. A doença de Parkinson (DP), afeta significativamente a vida dos pacientes, alguns não respondem às opções terapêuticas aplicadas costumeiramente, prejudicando ainda mais essa situação⁽²⁾. Ademais, disfunções temporomandibulares (DTMs) e bruxismo do sono (BS), são condições que prejudicam significativamente os pacientes, causando dores e movimentos mandibulares restritos⁽⁴⁾. A utilização da toxina botulínica, é vista ligada principalmente a fins estéticos, contudo sua utilidade vai muito além disso. **Objetivos:** Este resumo possui como objetivo avaliar e correlacionar o uso da toxina botulínica à doença de Parkinson, DTMs e Bruxismo como uma possível alternativa terapêutica. **Métodos:** Foi realizada uma pesquisa de artigos científicos nas plataformas Pubmed e Sciencedirect, buscando por meio dos descritores "botulinum toxin AND parkinsonism, botulinum toxin AND bruxism", onde foi encontrado os artigos utilizados. **Resultados:** O uso de toxina botulínica mostrou diversos benefícios quando avaliado em pacientes com DP, DTMs e BS. Isso foi evidente ao avaliar a sialorréia, que acomete 86% dos pacientes com DP, caracterizando a incapacidade de controlar as secreções orais, que após a aplicação da toxina botulínica nas glândulas salivares houve a inibição da transmissão colinérgica parassimpática e simpática pós-ganglionar, promovendo a diminuição da secreção salivar⁽²⁾. Além disso, a disfunção urinária ligada a DP também mostrou bons prognósticos quando submetidos à aplicação da toxina, agindo no músculo detrusor podendo trazer benefício por até 6 meses⁽²⁾. Em pacientes com DTMs e BS, submetidos a uma sessão de injeção da toxina nos músculos temporal e masseter,



foi possível observar uma melhora considerável nos níveis de dor, como também nos movimentos mandibulares, avaliados no pós-operatório, em um, três e seis meses após o tratamento⁽⁴⁾. **Conclusões:** Dessa forma, é possível concluir que o uso da terapia com toxina botulínica nos distúrbios de parkinsonismo, disfunções temporomandibulares e bruxismo tem uma grande importância terapêutica coadjuvante auxiliando de forma significativa no tratamento dos sintomas dessas síndromes. Porém, mais estudos são necessários para melhor compreender os mecanismos dessa toxina em cada síndrome, bem como buscar a padronização de doses nas mesmas, além de sua utilização em outras enfermidades.

Palavras-chave: Toxina botulínica; Parkinsonismo; Bruxismo; Disfunção temporomandibular;

Referências:

1. DHAKED, Ram Kumar et al. **Botulinum toxin: bioweapon & magic drug**. The Indian journal of medical research, v. 132, n. 5, p. 489, 2010.
2. CARDOSO, Francisco. **Botulinum toxin in parkinsonism: The when, how, and which for botulinum toxin injections**. Toxicon, v. 147, p. 107-110, 2018.
3. HATHEWAY, Charles L. **Clostridium botulinum and other clostridia that produce botulinum neurotoxin**. In: Clostridium botulinum. CRC Press, 2018. p. 2-20.
4. HOSGOR, Hatice; ALTINDIS, Sezen. **Efficacy of botulinum toxin in the management of temporomandibular myofascial pain and sleep bruxism**. Journal of the Korean Association of Oral and Maxillofacial Surgeons, v. 46, n. 5, p. 335-340, 2020.



XXVII Semana de Biomedicina

"Inovação e Ciência"



A NECESSIDADE DE UMA MAIOR ATENÇÃO BÁSICA AOS INDIVÍDUOS ACOMETIDOS PELO TB-HIV PARA O NÃO ABANDONO DO TRATAMENTO: UMA REVISÃO

José Matheus Lima Paiva da Paz¹; Juliana Prado Gonçalves²

¹Graduando no curso de Biomedicina pelo Centro Universitário Maurício de Nassau¹
(matheuspaiva251@hotmail.com)

²Docente do Centro Universitário Maurício de Nassau²
(julianagoncales1@gmail.com)

Introdução: A perigosa interação entre o vírus da imunodeficiência humana (HIV) e a infecção oportunista tuberculose (TB) acelera a deterioração das funções imunológicas, uma vez que se potencializam e caso não tratadas podem levar ao óbito.⁽¹⁾ A dupla é um desafio para a saúde pública no tratamento clínico das pessoas infectadas pelo HIV.⁽²⁾ O abandono do tratamento que dura em média 6 meses é bem alta no Brasil, cerca de 38% a 42% desistem e o ministério da saúde determina aceitável como 5% de caso de abandono.⁽³⁾ **Objetivos:** Investigar a necessidade de uma maior atenção básica aos indivíduos com TB-HIV para o não abandono do tratamento. **Métodos:** Na realização desta revisão de literatura o SciELO (*Scientific Electronic Library Online*) e Pubmed (*National Library of Medicine National Institutes of Health*) foram adotados como as plataformas de banco de dados no qual se fez um recorte temporal de 2010 até 2021. **Resultados:** O HIV infecta as células T-CD4+/CD8+, comprometendo a imunidade do indivíduo e a TB induzi a resposta imunológica, fazendo com que tenha aumento dos T-CD4+ e T-CD8+. A infecção não tratada induz mudanças na ativação, memória e perfil funcional das células T-CD4+/CD8+, com diminuição das células virgens e acúmulo de células altamente diferenciadas de tal forma que esse cenário sustenta a incidência de infecção oportunistas em pacientes com HIV não tratado em estágio de vulnerabilidade.⁽⁴⁾ O baixo monitoramento assíduo dos indivíduos corrobora no percentual elevado de desistência nos tratamentos. Inúmeras são as causas do abandono da terapia dentre elas o uso de droga, estágio de gravidade do HIV e interação medicamentosa. Um dos importantes obstáculos, refere-se a baixa participação das equipes de saúde sob a investigação de infecção latente de TB entre pessoas vivendo com HIV. Os acometidos em sua maioria são homens, com baixa condição socioeconômica, de 0 a 7 anos de estudo e em situação de privação da liberdade que pode ocorrer em asilos ou presídios.⁽⁵⁾ **Conclusões:** Levando-se em consideração os fatos apresentados até então, o estudo contribuiu para a divulgação de informações a respeito da importância do cuidar do indivíduo portador da infecção HIV-TB e evidenciar que atualmente é necessário um maior monitoramento do cenário HIV-TB.



Palavras-chave: HIV; TB; Saúde Pública.

Referências:

1. Pawlowski A, Jansson M, Sköld M, Rottenberg ME, Källenius G. Tuberculosis and HIV Co-Infection. *PLOS Pathogens*; 2012;8(2):e1002464.
2. Getahun H, Gunneberg C, Granich R, Nunn P. HIV Infection—Associated Tuberculosis: The Epidemiology and the Response. *Clinical Infectious Diseases*. 2010;50(3):201-207.
3. Rodrigues ILA, Monteiro LL, Pacheco RHB, Silva SED da. Abandono do tratamento de tuberculose em co-infectados TB/HIV. *Rev. esc. enferm.* 2010;44(2):383-387.
4. Mupfumi L, Mpande CAM, Reid T, Moyo S, Shin SS, Zetola N e et al. Immune Phenotype and Functionality of Mtb-Specific T-Cells in HIV/TB Co-Infected Patients on Antiretroviral Treatment. *Pathogens*. 2020;9(3):180.
5. Santos DT dos, Garcia MC, Costa AANF da, Pieri FM, Meier DAP, Albanese SPR et al. Infecção latente por tuberculose entre pessoas com HIV/AIDS, fatores associados e progressão para doença ativa em município no Sul do Brasil. *Cad. de Saúde Pública*. 2017;33(8):e00050916.





XXVII Semana de Biomedicina "Inovação e Ciência"



COMPORTAMENTO EPIDEMIOLÓGICO DA FEBRE CHIKUNGUNYA EM TEMPOS DA PANDEMIA

Maria Eduarda da Silva Pereira¹, José Carlos da Rocha Neto², Isa Cordeiro da Silva³,
Brenda Marques de Cerqueira⁴, Marillya Moraes da Silva⁵, Cibele Carine Silva⁶,
Solange Laurentino dos Santos⁷.

¹ Departamento de Parasitologia - IAM/FIOCRUZ¹(mesp1503@gmail.com)

² Departamento de Microbiologia - IAM/FIOCRUZ²
(josecarlos.rocha.neto@gmail.com)

³ Departamento de Energia Nuclear - UFPE³(isa.cordeiros@ufpe.br)

⁴ Departamento de Bioquímica - UFPE⁴(brenda.marquesc@ufpe.br)

⁵ Departamento de Fisiologia e Farmacologia - UFPE⁵(marykellic@gmail.com)

⁶ Departamento de Imunologia - IAM/FIOCRUZ⁶(cibelec651@gmail.com)

⁷ Área Acadêmica de Saúde Coletiva - UFPE⁷(solaurentino@hotmail.com)

Introdução: A tripla epidemia causada pelos vírus da Dengue, Zika e Chikungunya, que são transmitidos por mosquitos do gênero *Aedes* representam uma ameaça ao sistema de saúde pública do Brasil. A febre Chikungunya apresenta-se amplamente distribuída no mundo e tem sua sintomatologia associada à artralgia, dores de cabeça e fadiga⁽¹⁾. Nos últimos anos, foi verificado um aumento exponencial de casos prováveis de febre Chikungunya no estado de Pernambuco, agravando-se durante o período da pandemia do Covid-19⁽²⁾. **Objetivos:** Descrever a distribuição dos casos de Febre Chikungunya no estado de Pernambuco em comparação aos casos a nível nacional no contexto da pandemia da COVID-19. **Métodos:** Estudo descritivo com base nos dados secundários de casos prováveis de Febre Chikungunya apresentados nos boletins epidemiológicos sobre arboviroses fornecidos pelo Ministério da Saúde. O período de estudo foi durante os anos de 2018 a 2021. Os dados foram analisados por meio de ferramentas estatísticas descritivas. **Resultados:** No Brasil, foram registrados 366.024 casos prováveis de Febre Chikungunya entre os anos de 2018 e 2021, apresentando incidência média de 43,6 casos/100 mil habitantes. Já no estado de Pernambuco um total de 27.072 casos prováveis foram registrados no mesmo período, com incidência média de 70,6 casos/100 mil habitantes. Pernambuco vem apresentando, nos últimos três anos, um aumento exponencial no número de casos prováveis, tendo um aumento de 228% em 2021. Enquanto no cenário nacional mostrou que houve uma redução no número de casos prováveis em 2020 de 38% em relação a 2019, período precedente à pandemia. A possível mobilização das equipes de vigilância epidemiológicas estaduais que estavam voltadas ao enfrentamento de arboviroses para o controle da pandemia do Covid-19, pode estar diretamente relacionada à subnotificação dos casos de febre Chikungunya⁽³⁾. Ademais, as recomendações sanitárias estabelecidas durante a pandemia, visando o distanciamento social, podem estar também associadas a redução da procura por atendimento em uma unidade de saúde. Isso é evidenciado pela diminuição dos casos a nível nacional. Dessa forma, a real situação epidemiológica em Pernambuco pode estar sendo mascarada.

Conclusões: Observamos que houve uma possível subnotificação dos casos de febre Chikungunya no âmbito nacional associado à pandemia, e que a situação epidemiológica do estado de Pernambuco está sendo mascarada.

Palavras-chave: Febre Chikungunya; Epidemiologia; Pandemia; COVID-19.

Referências:

1. DO MONTE, Ana Cristina Pedrosa, DOS SANTOS, Solange Laurentino. Fatores associados ao óbito entre pacientes infectados pelo vírus Chikungunya, Pernambuco, Brasil (2015-2018). Revista Brasileira De Ciências Da Saúde, v. 24, n. 3, 2020. <https://doi.org/10.22478/ufpb.2317-6032.2020v24n3.51089>
2. SILVA, Severino Jefferson Ribeiro da; MAGALHÃES, Jurandy Júnior Ferraz de; PENA, Lindomar José. Simultaneous circulation of DENV, CHIKV, ZIKV and SARS-CoV-2 in Brazil: an inconvenient truth. One Health, v. 12, p. 1-3, 16 Dez. 2020. <https://doi.org/10.1016/j.onehlt.2020.100205>.
3. Boletim Epidemiológico Monitoramento dos casos de arboviroses urbanas. Brasília: Ministério da Saúde, Secretaria de Vigilância em Saúde, CGARB, DEIDT e SVS, n. 52, 1ª a 29ª semana epidemiológica, jan/jul, 2021.





XXVII Semana de Biomedicina "Inovação e Ciência"



Segurança e Eficácia das vacinas contra COVID-19 aplicadas em mulheres grávidas no Brasil

Mariana Silva Lucena¹, Maria Julia Alves de Melo², Jaqueline de Azevêdo Silva³

¹Graduanda em Biomedicina na Universidade Federal de Pernambuco¹

(mariana.slucena@ufpe.br)

²Graduanda em Farmácia na Universidade Federal de Pernambuco²

(julia.alvesm@ufpe.br)

³Doutora em Genética pela Universidade Federal de Pernambuco³

(jaqueline.azevedo@ufpe.br)

Introdução: O Brasil é o país com o maior número de mortes de grávidas e puérperas pela COVID-19, causada pelo SARS-CoV-2, no mundo¹. Até maio de 2021, 14.484 mulheres grávidas testaram positivo para a COVID-19 no país e, entre elas, 10,1% morreram². Durante a gravidez, o sistema imunológico se adapta tanto para proteger o feto de infecções quanto da rejeição pelo sistema imune materno. Devido a essa regulação imune, as gestantes foram enquadradas como grupo de risco da COVID-19. Enquanto o distanciamento social e a utilização de máscaras são medidas profiláticas essenciais, apenas a vacinação permitirá a erradicação total do vírus. No Brasil, apesar das dificuldades para estabelecer uma estratégia vacinal para as grávidas, já que não são incluídas em ensaios clínicos, elas têm sido vacinadas segundo os seguintes números: 201 mil com a Pfizer/BioNTech, 63 mil com a Coronavac/Butantan e 48 mil com a Astrazeneca/Oxford³. **Objetivos:** Analisar a segurança do uso das vacinas anti-SARS-CoV-2: Coronavac/Butantan, Pfizer/BioNTech e Astrazeneca/Oxford em gestantes. **Métodos:** Busca de artigos científicos conduzida na plataforma PubMed nos dias 30 e 31 de Agosto de 2021. Foram-se selecionados 10 artigos na língua inglesa dentre 1809 artigos encontrados utilizando as palavras-chave: *Covid Pregnancy Brazil, Vaccination strategy and pregnancy, mRNA vaccine and pregnancy*. **Resultados:** O Ministério da Saúde determinou que grávidas e lactantes até 45 dias pós-parto não devem receber vacinas com imunizantes de vetor viral, como é o caso da Astrazeneca/Oxford³. Essa determinação possui relação com o óbito de uma gestante de 35 anos, no Rio de Janeiro, após a vacinação. O laboratório da Oxford indica que os estudos clínicos da vacina não foram realizados em gestantes por ser uma precaução usual e efeitos adversos graves como esse são raros⁴. Em contraste, vacinas com vírus inativos têm sido ministradas eficientemente em grávidas e puérperas durante anos, como as vacinas de Influenza e Hepatite A¹. Por isso, a utilização da Coronavac/Butantan se mostra segura. Por fim, um estudo estadunidense conduzido com 35.691 gestantes e vacinas de mRNA concluiu que as grávidas não apresentaram reações adversas mais frequentes do que não-grávidas⁵, demonstrando a segurança do uso de vacinas como a Pfizer/BioNTech. **Conclusões:** As vacinas com vírus inativo como a Coronavac/Butantan e as de mRNA como a Pfizer/BioNTech indicam ser seguras em grávidas.

Palavras-chave: Grávidas, Vacina, SARS-CoV-2, COVID-19, Segurança vacinal



Referências:

¹QUINTANA, Silvana Maria. **We have Vaccine for COVID-19! What to Recommend for Pregnant Women?** Revista Brasileira de Ginecologia e Obstetrícia, v. 43, n. 2, p. 81–83, 2021.

²RODRIGUES, Agatha; LACERDA, Lucas; FRANCISCO, Rossana. **Brazilian Obstetric Observatory**. 2021. arXiv:2105.06534.

³Ministério da Saúde retoma vacinação contra a Covid-19 em gestantes e puérperas sem comorbidades. **Ministério da Saúde – Governo Federal**. 08 de jul. de 2021. Disponível em

<<https://www.gov.br/saude/pt-br/assuntos/noticias/ministerio-da-saude-retoma-vacinacao-contra-a-covid-19-em-gestantes-e-puerperas-sem-comorbidades>>. Acesso em: 30 de ago. de 2021.

⁴PEREIRA, Gislene. Pesquisadores mapeiam casos graves de gestantes e puérperas com Covid no Brasil. **CNN Brasil**. 13 de mai. de 2021. Disponível em

<<https://www.cnnbrasil.com.br/saude/pesquisadores-mapeiam-casos-graves-de-gestantes-e-puerperas-com-covid-no-brasil/>>. Acesso em: 05 de ago. de 2021.

⁵SHIMABUKURO et al. **Preliminary Findings of mRNA Covid-19 Vaccine Safety in Pregnant Persons**. The New England Journal of Medicine. v. 384, n. 24. 2021.

