

# **Anais eletrônicos da VI Jornada de Biomedicina do Unisagrado**

**Centro Universitário do Sagrado Coração**

**Bauru  
2022**

## **Comissão Organizadora da VI Jornada de Biomedicina do Unisagrado**

### **Coordenação científica:**

DOCENTES: Profa. Dra. Andréa Mendes Figueiredo

Profa. Me. Daniela Nicolielo Barbosa

Profa. Dra. Fernanda Furlanetto Bellentani

Profa. Me. Thainá Bertozzo Valente

### **Comissão Organizadora:**

DOCENTES: Profa. Dra. Andréa Mendes Figueiredo

Profa. Me. Daniela Nicolielo Barbosa

Profa. Dra. Fernanda Furlanetto Bellentani

Profa. Me. Thainá Bertozzo Valente

### **DISCENTES:**

Amanda Gabrielle Paulucci

Andressa Pitaguary Zorzetto

Bárbara Gasparini Bernardes

Beatriz Martins Alves de Souza

Beatriz Nogueira Ferrari

Carlos Eduardo Serra

Daniely Yukimi Yamada Medeiros Alves

Edson Felipe Vieira Costa e Silva

Gabriela de Almeida Souza

Heloiza Brasilino Goncalves

Heloisa Vidal Costa

Jaqueline Cássia Vieira de Lima

Jéfferson Henrique de Antônio

Letícia Corrêa Gomes Ferreira

Letícia Oliveira Baptista de Carvalho

Luana Caroline Ferreira Rosa

Marcilene Silva de Araújo Milano

Marina Molina

Rafaella Moratelli Rosa Lima

### **Apresentação do evento**

**Descrição do evento:** Evento Híbrido com minicursos presenciais e palestras remotas pela Plataforma Teams, nos quais foram contemplados conteúdos teóricos e práticos referentes a diversas áreas de habilitação do Biomédico.

**Datas:** 12 e 13/09/2022

**Local:** Centro Universitário Sagrado Coração/UNISAGRADO

## CARACTERIZAÇÃO DO PADRÃO INFLAMATÓRIO LINFOCITÁRIO NA NEUROSTICERCOSE EXTRAPARENQUIMATOSA EM DIFERENTES MOMENTOS DA EVOLUÇÃO.

Tatiane de Camargo Martins<sup>(1)</sup>; Aderaldo Costa Alves Junior<sup>(2)</sup>; Diego Generoso<sup>(2)</sup>; Marco Antonio Zanini<sup>(2)</sup>; Pedro Tadao Hamamoto Filho<sup>(2)</sup>.

<sup>(1)</sup>Centro Universitário Sagrado Coração - Unisagrado; <sup>(2)</sup>Universidade Estadual Paulista – UNESP, Campus de Botucatu.

**Introdução:** A neurocisticercose (NCC) é a doença parasitária mais comum do Sistema Nervoso Central. A doença em sua forma extraparenquimatosa, em que os cistos se alojam nos compartimentos líquóricos, apresenta respostas inflamatórias que podem causar alterações no fluxo do líquido (LCR), tendo como possíveis consequências a hidrocefalia e hipertensão intracraniana. Os cistos conseguem evadir os mecanismos imunológicos e mediadores inflamatórios do hospedeiro, sendo esses influenciados pelo estágio de evolução do parasita, assim ocasionando um padrão de resposta, permissivo à infecção. Modelos experimentais de NCC podem auxiliar a caracterizar o padrão inflamatório linfocitário na neurocisticercose extraparenquimatosa. **Objetivos:** O presente estudo teve como objetivo caracterizar um padrão inflamatório linfocitário em um modelo experimental de neurocisticercose extraparenquimatosa analisando a nível imunistoquímico cérebros de ratos Wistar (*Rattus norvegicus*), que foram inoculados com cistos de *Taenia crassiceps* em diferentes momentos (1, 3 e 6 meses). **Metodologia:** Para a caracterização do padrão linfocitário, foram utilizados 30 cérebros de ratos Wistar machos emblocados em parafina, provenientes de projetos concluídos anteriormente onde os animais foram inoculados com cistos de *T. crassiceps* (cepa ORF), que haviam sido mantidos na cavidade peritoneal de camundongos e foram retirados de forma asséptica, selecionados de acordo com a sua viabilidade e inoculados com punção suboccipital da cisterna magna dos ratos. Os blocos de parafina com os encéfalos foram cortados em micrótomo com espessura de 3µm, e incluídos em lâminas silanizadas para analisar o imunofenótipo linfocitário por meio de colorações imunistoquímica (IHQ), utilizando anticorpos anti-CD4, anti-CD8, anti-CD19 e anti-CD56, e anticorpo secundário polímero conjugado com a enzima peroxidase horseradish (HRP). **Resultados/Conclusão** Os resultados demonstram que o marcador CD4 teve expressão de grau leve a moderada no primeiro mês e no sexto mês de inoculação. O marcador CD8 mostrou um pico de expressão nos encéfalos do grupo de 6 meses, tendo expressão leve em todas as lâminas. CD19 apresentou uma tendência de distribuição temporal de expressões semelhante ao CD4. As diferenças nas taxas de expressão do marcador CD56 não atingiram resultados estatisticamente significativos. Os testes sugerem um padrão inflamatório acentuado inicialmente e com progressiva cronificação nas fases tardias para Linfócitos T auxiliares (CD4), e T citotóxicos (CD8), o que corrobora com a hipótese que o padrão linfocitário tende a predomínios linfocitários persistentes, e a cronificação com o decorrer do tempo de evolução.

**Palavras-chave:** Neurocisticercose extraparenquimatosa; Padrão inflamatório linfocitário; *Taenia crassiceps*.

**Apoio financeiro:** Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - CNPq.

**DIAGNÓSTICO MOLECULAR PARA *DIENTAMOEBIA FRAGILIS* EM AMOSTRAS FECAIS DE UMA COMUNIDADE QUILOMBOLA DE FILUS, ALAGOAS**

Juliana Dezan Nunes Silva <sup>(1)</sup>, Andressa Pitaguary Zorzetto <sup>(1)</sup>, Érica Boarato David <sup>(1)</sup>, Thainá Valente Bertozzo <sup>(1)</sup>

<sup>(1)</sup> Centro Universitário Sagrado Coração – Unisagrado.

**Introdução:** *Dientamoeba fragilis* é um organismo ameboide que possui dois núcleos e infecta o trato intestinal humano. Os mecanismos de transmissão e patogênese não estão claros, entretanto, a via mais plausível de transmissão é fecal-oral, com destaque para a contaminação através de água e alimentos, além do contato pessoa-pessoa através das mãos. A doença normalmente leva a um quadro assintomático, porém diarreia intensa, dor abdominal, flatulência, emagrecimento e má absorção são sintomas possíveis, principalmente em indivíduos imunocomprometidos. Além disso, o parasito parece ter um papel importante na etiologia de portadores da Síndrome do Intestino Irritável (SII). Mesmo assim, o diagnóstico deste organismo não é realizado na rotina clínica, subestimando os dados de sua frequência na população. **Objetivos:** o objetivo do trabalho foi realizar o diagnóstico molecular para *D. fragilis* em amostras de fezes de indivíduos de uma comunidade quilombola de Filus, Alagoas. **Metodologia:** Para isso, foram utilizadas amostras de fezes congeladas de 80 indivíduos da comunidade quilombola Filus, Alagoas (CAAE: 78560617.4.0000.5502). Foi empregado um kit específico para a extração de DNA das amostras e, posteriormente, foram realizadas as técnicas moleculares de Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) com *primers* específicos e eletroforese para estimar bandas positivas dos isolados. **Resultados/ Conclusão:** a partir dos métodos moleculares, foi possível identificar 5 amostras positivas (6,25%) para *D. fragilis*. Ainda que a frequência deste parasito não tenha sido alta, o estudo evidencia a circulação do agente na população. Os dados deste trabalho chamam a atenção para a importância clínica do parasito, visto que possíveis sintomas de um paciente infectado com *D. fragilis* podem levar a um resultado errôneo por falta de diagnóstico. Além do mais, por se tratar de um agente com veiculação fecal-oral, medidas de higiene básicas como lavagem das mãos e higienização de alimentos são hábitos que devem ser reforçados na população para evitar essas e outras doenças causadas por parasitos intestinais.

**Palavras-chave:** *Dientamoeba fragilis*; Diagnóstico molecular; PCR; Fezes.

**Apoio Financeiro:** PIBIC-Unisagrado

## COEXPRESSION DE GENES NO CÂNCER DE PULMÃO DE CÉLULAS ESCAMOSAS COM IMPLICAÇÕES NO METABOLISMO HORMONAL.

Mariana Rodrigues Santesso<sup>(1)</sup>; Vanessa das Graças Pereira de Souza<sup>(2)</sup>; Márcio de Carvalho<sup>(2)</sup>; Sandra Aparecida Drigo<sup>(1)</sup>; Luis Alejandro Jose Mur<sup>(3)</sup>; Patricia Pintor dos Reis<sup>(1,2)</sup>

<sup>(1)</sup>Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Medicina de Botucatu, Departamento de Cirurgia e Ortopedia, e Unidade de Pesquisa Experimental (UNIPLEX), Botucatu, SP, Brasil.

<sup>(2)</sup>Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Departamento de Clínica Veterinária, Botucatu, SP, Brasil.

<sup>(3)</sup>Aberystwyth University, Department of Biological, Environmental and Rural Sciences (IBERS), Aberystwyth, País de Gales, Reino Unido.

**Introdução:** O câncer de pulmão é a principal causa de óbitos por câncer em todo o mundo. O carcinoma de células escamosas (CCE) pulmonar compreende aproximadamente 30% dos casos de câncer de pulmão. O tratamento do CCE de pulmão continua sendo um desafio, uma vez que os avanços no desenvolvimento de terapias direcionadas a alvos moleculares não beneficiaram totalmente os pacientes com esse subtipo tumoral. Nesse contexto, o estudo do metabolismo tumoral é promissor para a identificação de novos alvos terapêuticos ainda inexplorados no CCE. **Objetivo:** O presente estudo teve por objetivo identificar genes coexpressos e com papéis biológicos relevantes ao metabolismo, bem como seus metabólitos com potencial papel no desenvolvimento e progressão do CCE pulmonar. **Metodologia:** Foram realizadas análises *in silico* utilizando dados de sequenciamento do transcrito (RNA-Seq) de CCE de pulmão (n=498) publicamente disponíveis no projeto The Cancer Genome Atlas – TCGA. Os perfis de expressão do transcrito tumoral foram comparados com dados de RNA-Seq de tecidos pulmonares normais (n=288), publicamente disponíveis no banco de dados Genotype Tissue Expression Atlas (GTEx). Os dados foram recuperados através da plataforma UCSC Xena Browser, os genes diferencialmente expressos foram identificados nos casos de CCE de pulmão versus tecidos pulmonares normais. Em seguida, utilizamos o banco de dados *Virtual Metabolic Human* para identificação de genes relacionados ao metabolismo e foi realizada a análise de coexpressão utilizando a ferramenta CEMiTool. Em seguida, análises de enriquecimento de vias e de metabólitos para os genes coexpressos foram realizadas utilizando a ferramenta EnrichR. **Resultados/Conclusão:** Foram identificados conjuntos de genes com função associada ao metabolismo tumoral, incluindo vias de biossíntese de hormônios. A biossíntese hormonal pode estar relacionada ao desenvolvimento e progressão do CCE pulmonar, sendo uma via potencial para intervenção terapêutica.

**Palavras-chave:** Câncer de Pulmão de Células Escamosas; Hormônio; Metabolismo.

**Apoio financeiro:** Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES).

## IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR DE ISOLADOS DE *BLASTOCYSTIS SP.* EM AMOSTRAS FECAIS DE INDIVÍDUOS RESIDENTES DA COMUNIDADE QUILOMBOLA DE FILUS, ALAGOAS.

Andressa Pitaguary Zorzetto<sup>(1)</sup>, Juliana Dezan Nunes Silva<sup>(1)</sup>, Érica Boarato David<sup>(1)</sup>, Thainá Valente Bertozzo<sup>(1)</sup>

<sup>(1)</sup> Centro Universitário Sagrado Coração – Unisagrado.

**Introdução:** *Blastocystis sp.* é um organismo unicelular, eucarioto, anaeróbico, pertencente ao grupo dos *Stramenopiles*. Sua transmissão se dá por via oral-fecal, sendo a forma cística considerada a principal forma infectante. Os cistos podem ser ingeridos através de água e alimentos contaminados, ou até mesmo através do contato direto pessoa a pessoa, através das mãos. A maioria dos indivíduos portadores de *Blastocystis* é assintomática. Entretanto, quando sintomática, há presença de diarreias agudas ou crônicas que podem ser acompanhadas de dores abdominais, flatulência, náuseas e vômitos. Normalmente a infecção é resolvida espontaneamente. Os quadros mais graves e crônicos são frequentemente associados a indivíduos imunocomprometidos. Aspectos relacionados à epidemiologia e mecanismos de infecção ainda não estão bem estabelecidos, e, além disso, o diagnóstico deste parasita não é realizado em laboratórios clínicos de rotina, o que subestima os dados de prevalência do mesmo na população. **Objetivos:** Diante do exposto, o objetivo do trabalho foi identificar através de métodos moleculares, os isolados de *Blastocystis sp.* em amostras fecais obtidas em uma comunidade quilombola localizada em Alagoas. **Metodologia:** Foram utilizadas amostras de fezes congeladas de 75 indivíduos da comunidade quilombola Filus, localizada entre os municípios de União dos Palmares e Santana do Mundaú (105 km de Maceió), Zona da Mata de Alagoas (CAAE: 78560617.4.0000.5502). As amostras foram submetidas à extração de DNA com kit específico e, em seguida, foi realizada a amplificação dos isolados de *Blastocystis*, por PCR e eletroforese. **Resultados/Conclusão:** a amplificação e posterior eletroforese evidenciaram 43 amostras positivas (57,3%) para o agente. Portanto, conclui-se que *Blastocystis sp.* circula na população com moderada frequência, reforçando, desta maneira, a importância do diagnóstico deste parasita de modo que evite a emissão errônea de laudos parasitários. Além disso, por se tratar de uma doença parasitária de veiculação fecal-oral, reforça-se a importância de medidas de educação para a saúde com ênfase em higiene das mãos e alimentos.

**Palavras-chave:** *Blastocystis*; Diagnóstico molecular; PCR; Fezes.

## COMPARAÇÃO FENOTÍPICA DA PRODUÇÃO DE ESBL EM CEPAS DE *Escherichia coli* UROPATOGÊNICAS E ISOLADAS DE CARCAÇAS DE FRANGO NA CIDADE DE BAURU - SP

Daniely Yukimi Yamada Medeiros Alves<sup>(1)</sup>; Ana Carolina Polano Vivan<sup>(1)</sup>.

<sup>(1)</sup>Centro Universitário Sagrado Coração – Unisagrado.

**Introdução:** As infecções do trato urinário são causadas principalmente por bactérias relacionadas ao ambiente hospitalar e à comunidade, sendo especialmente relacionadas à *Escherichia coli* uropatogênica (UPEC). Estas bactérias podem apresentar mecanismos de resistência, dentre elas, ressaltam-se as enzimas betalactamases, como as  $\beta$ -lactamases de amplo espectro (ESBL), capazes de hidrolisar os anéis  $\beta$ -lactâmicos de antibióticos como cefalosporinas de primeira a quinta geração, aztreonam e penicilina, diminuindo as opções terapêuticas. **Objetivos:** O presente estudo teve como objetivos selecionar cepas de *Escherichia coli* em amostras de urina obtidas de um laboratório de análises clínicas, e pesquisar enterobactérias em amostras de frango, comercializadas na cidade de Bauru-SP, identificando a produção da enzima ESBL, além de compará-las. **Metodologia:** Foram selecionadas 30 amostras de *E. coli* de urocultura, as quais foram criopreservadas em caldo BHI e glicerol na proporção 60:40. As amostras de frango foram obtidas por meio da submersão da carne em caldo BHI, que ficou em estufa a 35  $\pm$  2 °C overnight, em seguida foram inoculadas em ágar Mc Conkey, identificadas por provas bioquímicas (EPM, MILI e citrato) e estocadas. As amostras, de urina e de frango, foram reativadas em ágar Mc Conkey e identificadas por meio das provas bioquímicas. Em seguida foi realizado antibiograma para avaliar a sensibilidade a antimicrobianos, com base no método padrão de difusão de disco recomendado pelo BrCAST para enterobactérias e para a pesquisa fenotípica de produção de ESBL foi utilizado o método de disco aproximação do CLSI. **Resultados/Conclusão:** No total foram analisadas 29 amostras estocadas, tanto de frango, quanto de urina, sendo a principal bactéria identificada, *Escherichia coli*, seguida de *Klebsiella pneumoniae*. Dentre essas amostras, apenas 3 foram positivas para a produção de ESBL, verificada por uma zona de achatamento do halo da amoxicilina/ácido clavulânico. Em conjunto foi possível analisar, em decorrência da disposição dos discos de antibióticos, a produção da enzima AmpC, identificada pelo achatamento de halo entre ceftazidima e imipenem e na cruz do teste fenotípico de ESBL. A partir destes resultados é possível comparar a incidência de *Escherichia coli* em amostras de frango e de urina e sua importância epidemiológica na cidade de Bauru.

**Palavras-chave:** Carne de frango; ESBL; *Escherichia coli*.

**Apoio financeiro:** Fundo de Amparo à Pesquisa - FAP/UNISAGRADO.