



SUMÁRIO

A INTRODUÇÃO DO TESTE DA PCR EM TEMPO REAL PARA DETECÇÃO DE BORDETELLA PERTUSSIS.....	3
Análise da influência do polimorfismo G/GG no promotor do gene MMP1 sobre o desenvolvimento de DPOC em indivíduos do sul do Brasil	4
ANÁLISE DE INTERAÇÃO ENTRE O GENE GSTP1 E EXPOSIÇÃO A PESTICIDAS NA SUSCETIBILIDADE PARA A DOENÇA DE PARKINSON	5
ANÁLISE DE INTERAÇÕES ENTRE O GENE GSTM1 E TABAGISMO NA SUSCETIBILIDADE PARA A DOENÇA DE PARKINSON	6
Análise do polimorfismo no éxon 15 do gene de reparo XPG e sua influência nas taxas de danos no DNA em indivíduos expostos a agrotóxicos	7
ANÁLISE HISTOLÓGICA DO PÂNCREAS DE ANIMAIS EXPOSTOS AO ENTEROVÍRUS BOVINO	8
Correlação entre Índice de Massa Corporal e perfil lipídico em indivíduos com Diabetes Mellitus tipo 2.....	9
Danos de DNA avaliados em floricultores pelo teste de micronúcleo e ensaio cometa	10
DESENVOLVIMENTO DE MÉTODO PARA DETERMINAÇÃO PLASMÁTICA DE DEXTROMETORFANO E DEXTRORFANO POR CLAE-FL PARA FENOTIPAGEM DA CYP2D6.	11
DESENVOLVIMENTO DE METODOLOGIA DE DETECÇÃO MOLECULAR DE ROTAVÍRUS EM AMOSTRAS DE ÁGUA	12
DESENVOLVIMENTO DE PROTOCOLO DE COLORAÇÃO DE CARTILAGEM ELÁSTICA PARA LÂMINAS DE COLEÇÃO DIDÁTICA.....	13
DESENVOLVIMENTO E VALIDAÇÃO DE MÉTODO PARA DETERMINAÇÃO PLASMÁTICA DE OMEPRAZOL E OMEPRAZOL SULFONA POR CLAE-DAD PARA FENOTIPAGEM DA CYP3A4	14
DETECÇÃO DE ADENOVÍRUS HUMANOS E ANIMAIS EM AMOSTRAS DE ÁGUA BRUTA DO RIO DOS SINOS E AFLUENTES.....	15
DETECÇÃO MOLECULAR DE VÍRUS ENTÉRICOS EM PROPRIEDADES RURAIS NA AVALIAÇÃO DA QUALIDADE AMBIENTAL EM ÁGUAS E SEDIMENTOS.....	16



EFEITOS DA COMPOSTAGEM AUTOMATIZADA NA DISPERSÃO E REMOÇÃO DE DIFERENTES ESPÉCIES DE ADENOVÍRUS EM SOLOS TRATADOS COM DEJETOS SUÍNOS	17
ESTUDO CITOPATOLÓGICO PILOTO EM EXPOSIÇÃO OCUPACIONAL NA PRODUÇÃO DE CARVÃO VEGETAL.....	18
ESTUDO DOS EFEITOS TÓXICOS DO CROMO SOBRE ALGUNS PARÂMETROS BIOQUÍMICOS EM INDIVÍDUOS EXPOSTOS AO METAL	19
Estudo em modelo animal submetidos a dieta hiperlipídica indica que o óleo de coco pode ser prejudicial à saúde por alterar o quadro glicêmico	20
INFLUÊNCIA DAS ADIPOCINAS SOBRE PERFIL LIPÍDICO EM INDIVÍDUOS COM EXCESSO DE PESO CORPORAL	21
Influência do polimorfismo Lys939Gln do gene XPC sobre as taxas de danos no DNA de trabalhadores expostos a agrotóxicos	22
INFLUÊNCIAS GENÉTICAS SOBRE ESCORES DE MEMÓRIA NO ENVELHECIMENTO: INTERAÇÃO ENTRE GÊNERO E O POLIMORFISMO TaqIA DO GENE DRD2/ANKK1.....	23
Interação entre o polimorfismo de inserção/deleção do gene ECA e o padrão de diversidade de atividades diárias sobre escores de memória no envelhecimento.	24
INTERAÇÕES GENE X AMBIENTE: EVIDÊNCIAS DE EFEITO ADITIVO ENTRE O ALELO E*2 DO GENE APOE E O CONSUMO DE CAFÉ NA PROTEÇÃO PARA A DOENÇA DE PARKINSON ...	25
INVESTIGAÇÃO DA ALTERAÇÃO DE MARCADORES BIOQUÍMICOS DE HEPATOTOXICIDADE INDUZIDA PELO USO DE QUIMIOTERÁPICOS UTILIZADOS NO TRATAMENTO DO CÂNCER DE MAMA.....	26
Métodos analíticos para controle do processo de produção de bioetanol a partir do lodo industrial de papel reciclado.....	27
PADRONIZAÇÃO DA TÉCNICA DE PCR EM TEMPO REAL PARA DETECÇÃO DO GENE blaOXA-23 EM ISOLADOS CLÍNICOS DE Acinetobacter baumannii	28
Polimorfismo de deleção do gene GSTM1 e sua relação com taxas de dano ao DNA em uma população do sul do Brasil	29
Teste de micronúcleo em células da mucosa de trabalhadores expostos a poluentes atmosféricos e poeiras ocupacionais na avicultura	30



A INTRODUÇÃO DO TESTE DA PCR EM TEMPO REAL PARA DETECÇÃO DE BORDETELLA PERTUSSIS

Mayara Bernardes¹; Pâmela Rodrigues Garcia¹; Elias Hoffmann¹; Grazieli Camargo¹; Vlademir Vicente Cantarelli²

Infecções respiratórias graves ocorrem todos os anos, principalmente no Sul do Brasil. A coqueluche é uma doença infecciosa aguda causada pela bactéria *Bordetella pertussis*, que ainda representa um problema de saúde pública mundial. Recentemente foram descritos aumento de casos de coqueluche em diversos países. O diagnóstico da infecção é baseado principalmente na cultura da bactéria, cuja sensibilidade é considerada muito baixa. Métodos moleculares são mais sensíveis e específicos e estão substituindo as técnicas de cultivo para esta bactéria. Objetivos: Demonstrar a utilidade de um teste molecular para detecção de *B. pertussis* em amostras de nasofaringe de pacientes com suspeita de coqueluche. Método: Estudo de caráter observacional, que consiste na coleta de dados de pacientes que realizaram o teste molecular para detecção de *B. pertussis* no Laboratório de Análises Clínicas Qualitá em Novo Hamburgo. Resultados: De setembro a outubro de 2012, 55 amostras de secreção de nasofaringe foram submetidas ao laboratório para detecção de *B. pertussis* por PCR em tempo real. A taxa de positividade foi de 62%. A idade dos pacientes variou de 20 dias a 8 anos de idade. Cerca de 30% dos pacientes eram crianças com menos de um ano de idade, enquanto os restantes 70% eram entre 4 e 8 anos de idade. Conclusão: Os dados parciais obtidos indicam que a coqueluche representa uma doença muito comum em nosso meio. A introdução de novas técnicas de diagnóstico laboratorial, mais precisas e sensíveis nos mostra que o número real de casos de coqueluche no Sul do Brasil pode ser grandemente subestimado. Além disto, técnicas moleculares utilizadas como substituto da cultura podem fornecer o resultado no mesmo dia, contribuindo para o tratamento correto da doença, evitando propagação da bactéria para outras pessoas. A perda da imunidade induzida por vacinação ou a perda gradual da imunidade adquirida, e falta de reforços vacinais contribuem para a circulação da bactéria na comunidade. (UNIVERSIDADE FEEVALE; LABORATÓRIO QUALITÁ; FEEVALE)

Palavras-chave: PCR em tempo real. *Bordetella pertussis*. técnicas moleculares. coqueluche

¹Autor(es) ²Orientador(es)

Email (mayara.bernardes30@gmail.com e vlademir@feevale.br)



Análise da influência do polimorfismo G/GG no promotor do gene MMP1 sobre o desenvolvimento de DPOC em indivíduos do sul do Brasil

Thais Luise Dillenborg¹; Fabiana Michelsen de Andrade¹; Luciano Basso da Silva²

TEMA: O presente estudo avalia a relação entre o polimorfismo G/GG no promotor de MMP1 e o desenvolvimento de DPOC em indivíduos do sul do Brasil. **JUSTIFICATIVA:** A MMP1 ou fibroblasto colagenase desempenha um papel fundamental no remodelamento da matriz extracelular, promovendo a quebra dos colágenos fibrilares tipos 1, 2 e 3 em subprodutos proteicos menores capazes de serem destruídos por outras enzimas. Estudos recentes tem mostrado uma possível relação entre o polimorfismo 1G/2G na região -1607 do promotor deste gene, e seu grau de expressividade, o que poderia estar relacionado com o risco de desenvolvimento de Doença Pulmonar Obstrutiva Crônica (DPOC). **OBJETIVO:** O objetivo deste estudo é avaliar a relação entre o polimorfismo neste promotor e a ocorrência de DPOC em uma amostra do sul do Brasil. **METODOLOGIA:** Foram analisadas amostras de DNA de 67 indivíduos fumantes com DPOC e de 70 indivíduos controles com função pulmonar normal, de acordo com os parâmetros espirométricos obtidos, todos residentes da região metropolitana de Porto Alegre. As amostras foram amplificadas por PCR com posterior clivagem por enzima de restrição *Xmn*. **RESULTADOS:** Com base nos resultados preliminares, não é possível estabelecer se há uma relação entre o polimorfismo neste promotor e o risco aumentado de desenvolvimento de DPOC. (UNIVERSIDADE FEEVALE)

Palavras-chave: MMP1, DPOC, fibroblasto colagenase, suscetibilidade genética.

¹Autor(es) ²Orientador(es)

Email (thais_dill_enburg@hotmail.com e lucianosilva@feevale.br)



ANÁLISE DE INTERAÇÃO ENTRE O GENE GSTP1 E EXPOSIÇÃO A PESTICIDAS NA SUSCETIBILIDADE PARA A DOENÇA DE PARKINSON

Bruna Bellini¹; Juliana Foresti Caprara¹; Jéssica Brasil Figueredo Meyer¹; Malisia Belestrin Lazzari¹; Fabiana Michelsen de Andrade²

A doença de Parkinson (DP) é segunda desordem neurodegenerativa mais comum no mundo, com etiologia multifatorial envolvendo complexas interações entre genética e ambiente. Vários fatores de risco foram identificados para DP, entre eles a exposição ocupacional a pesticidas. Nesse contexto, o acúmulo de substâncias tóxicas associado à polimorfismos em genes da família de enzimas de detoxificação poderia levar a um maior risco no desenvolvimento DP. Dentre estes, o gene da glutatona S-transferase P1 é um gene candidato, uma vez que o polimorfismo Ile105Val está relacionado com menor atividade enzimática. O objetivo deste estudo é analisar se há interações entre o polimorfismo do gene GSTP1 e a exposição ambiental sobre a DP. Até o momento foram coletadas amostras de DNA de 113 pacientes previamente diagnosticados com DP e comparados com 184 controles. A análise do gene GSTP1 foi feita através da técnica de PCR/RFLP (94 controles e 83 pacientes genotipados), e a exposição a pesticidas foi avaliada pelo uso de um questionário retrospectivo, no qual os participantes responderam perguntas relacionadas a ocupação pregressa, exposição a pesticidas no trabalho, qual tipo de pesticida, entre outras. Respostas sobre exposição ambiental e frequências genotípicas foram comparadas por teste de qui-quadrado, utilizando o programa SPSS, versão 20.0. Quando frequências genotípicas do gene GSTP1 foram comparadas entre pacientes e controles, nenhuma diferença significativa foi detectada. Verificamos uma tendência de que mais pacientes do que controles fossem agricultores (21,2% pacientes vs 13% de controles, = 0,065). O número de pacientes que usaram pesticidas no trabalho foi maior, quando comparados ao grupo controle (15,9% pacientes vs 6,5% controles, = 0,009), especialmente com relação ao uso de herbicidas e de inseticidas. Estes dados indicam que existe uma relação significativa entre a exposição a pesticidas e o risco de desenvolver DP com uma tendência de maior risco para agricultores quando comparados a outras ocupações. Nenhuma interação significativa entre portadores do alelo G (a princípio o alelo de risco) e a ocupação pregressa como agricultor ou o uso de pesticidas no trabalho foi encontrada, o que pode ser ocasionado pelo pequeno tamanho amostral analisado até o momento. O estudo continua em andamento com o objetivo de aumentar o poder estatístico e realizar novas análises para determinação de dados relevantes sobre possíveis fatores de risco para a DP. (UNIVERSIDADE FEEVALE; FAPERGS, CNPQ E FEEVALE)

Palavras-chave: Parkinson. GSTP1. Pesticidas. Ambiente. Genética. Neurologia. Multifatorial.

¹Autor(es) ²Orientador(es)

Email (brunabellini@gmail.com e fabiana.andrade@feevale.br)



ANÁLISE DE INTERAÇÕES ENTRE O GENE GSTM1 E TABAGISMO NA SUSCETIBILIDADE PARA A DOENÇA DE PARKINSON

Jéssica Brasil Figueredo Meyer¹; Juliana Foresti Caprara¹; Bruna Bellini¹; Malisia Belestrin Lazzari¹; Fabiana Michelsen de Andrade²

Introdução: A Doença de Parkinson (DP) possui etiologia multifatorial, o que inclui a participação tanto de fatores ambientais quanto genéticos, ainda não completamente compreendidos. Diversos estudos relatam que substâncias presentes no cigarro podem trazer efeitos benéficos para a DP, agindo como um neuroprotetor. Além disto, dentre os genes candidatos estão incluídos genes de metabolização de xenobióticos, como o GSTM1, e sua deficiência pode estar relacionada ao aumento ou diminuição do risco de DP, dependendo do tipo de substâncias que o indivíduo está em contato (substâncias neuroprotetoras ou prejudiciais). Indivíduos com genótipo GSTM1 nulo são deficientes dessa enzima e possuem uma capacidade reduzida de conjugação de xenobióticos, como as substâncias presentes no cigarro. Portanto, se o fumo é protetor, deve ser mais eficaz em indivíduos com genótipo nulo, mas esta hipótese nunca foram testada anteriormente. **Objetivos:** Investigar interações entre a exposição ao tabagismo e a presença do genótipo nulo do gene GSTM1 na suscetibilidade para doença de Parkinson. **Metodologia:** Foram avaliados 113 pacientes com doença de Parkinson e 164 indivíduos controles. A presença do genótipo nulo para o GSTM1 foi avaliada através de PCR. Ambos os grupos responderam a um questionário retrospectivo com perguntas referentes ao tabagismo. **Resultados:** Quando investigadas de maneira isolada, nenhuma variável relacionada ao hábito tabágico foi estatisticamente associada com DP, assim como não foi possível detectar a influência do gene GSTM1. No entanto, utilizando a análise multivariada com a inserção da exposição prévia à pesticidas como cofator, foi possível perceber o papel protetor do tabagismo em relação à presença da DP (OR=0,5, p=0,049). Entretanto, ainda não foi possível detectar nenhuma interação entre o gene GSTM1 e o tabagismo, embora a presença de GSTM1 tenha tido uma influência protetora *borderlin* (OR= 57; p=0,076). **Conclusão:** Os dados do presente estudo confirmam o hábito tabágico e a presença do gene GSTM1 como fatores de proteção para a DP. No entanto, com o aumento do tamanho amostral, novas e/ou mais fortes influências poderão ser detectadas. (UNIVERSIDADE FEEVALE; FEEVALE)

Palavras-chave: Doença de Parkinson; tabagismo; GSTM1; interação gene x ambiente.

¹Autor(es) ²Orientador(es)

Email (jezinha_meyer@hotmail.com e fabiana.andrade@feevale.br)



Análise do polimorfismo no éxon 15 do gene de reparo XPG e sua influência nas taxas de danos no DNA em indivíduos expostos a agrotóxicos

Cristiane Ines Borre¹; Luciano Basso da Silva²

A exposição ocupacional a contaminantes ambientais oferece riscos à integridade genética podendo desencadear doenças, como o câncer. Os estudos da relação entre os danos cromossômicos e os polimorfismos em genes de reparo de indivíduos expostos a agressores de DNA é uma ferramenta que permite a avaliação destes riscos à saúde, sendo base para uma regulamentação de normas que visem atenuar a exposição aos xenobióticos estudados. Sendo assim, é relevante a identificação de grupos expostos a substâncias capazes de provocar danos ao DNA, bem como determinar a predisposição genética individual. O gene XPG, também conhecido como ERCC5, é um gene de reparo do DNA e atua de forma a manter a integridade genômica, portanto, mutações neste gene podem estar associadas à predisposição genética para um aumento de danos cromossômicos. O objetivo deste trabalho é avaliar a influência do polimorfismo no éxon 15 do gene XPG, resultante de uma troca de uma guanina por uma citosina, sobre as taxas de danos encontradas em indivíduos expostos e não expostos agrotóxicos. O grupo exposto foi constituído por 45 citricultores da região do Vale do Caí, RS, todos maiores de 18 anos, e o grupo controle foi composto por 40 indivíduos não expostos, comerciantes da mesma região. O DNA foi extraído de uma amostra de sangue total e as genotipagens foram realizadas com a técnica de PCR-RFLP, com a enzima de restrição Hsp92II. Foram analisadas até o momento 30 amostras, e os resultados preliminares não demonstram diferenças entre os genótipos quanto às taxas de dano ao DNA. (FEEVALE; FAPERGS)

Palavras-chave: Agrotóxicos. Danos no DNA. XPG. Polimorfismos genéticos.

¹Autor(es) ²Orientador(es)

Email (crisborre01@yahoo.com.br e lucianosilva@feevale.br)



ANÁLISE HISTOLÓGICA DO PÂNCREAS DE ANIMAIS EXPOSTOS AO ENTEROVÍRUS BOVINO

Cristina Deuner Müller¹; Thaís Dalzochio¹; Tabata Spellmeier Lange¹; Fanthini de Bona Bernardi¹; Fernando Rosado Spilki¹; Daiane Bolzan Berlese²; Luciane Rosa Feksa²; Gunther Gehlen²

Tema: infecções enterovirais e diabetes. **Justificativa:** os enterovírus, membros da família *Picornavirida*, são importantes agentes causadores de doenças em humanos. O envolvimento dos enterovírus no desencadeamento do diabetes melitus tipo 1 (DM1) tem sido amplamente estudado, visto que esses poderiam infectar diretamente as células β pancreáticas. **Objetivos** verificar os efeitos histopatológicos da exposição ao enterovírus bovino (BEV) em modelo animal. **Métodos:** foram utilizados 25 ratos Wistar separados em três grupos: controle (n=10), enterovírus (n=9) e DM1 (n=6). Os animais do grupo enterovírus receberam 100mL de água contaminada com BEV, enquanto que os animais do grupo DM1 tiveram o diabetes induzido com estreptozotocina (STZ). Após oito semanas, os animais foram sacrificados para a coleta de sangue e pâncreas. A glicemia foi verificada, enquanto que os pâncreas foram fixados em formol e processados pela técnica de inclusão em parafina. Os blocos foram seccionados com micrótomo rotatório e as lâminas foram coradas com hematoxilina e eosina (H&E) (para análise geral das estruturas) e com aldeído fucsina (para granulação das células β pancreáticas). Posteriormente, as lâminas foram digitalizadas para análise da área das ilhotas, densidade de células pancreáticas e *shape Z* (coeficiente de forma). Os dados foram analisados através do ANOVA-One Way seguido do teste de Tukey, onde $p < 0,05$ foi considerado significativo. Os dados foram expressos como média \pm desvio padrão. **Resultados:** houve um aumento significativo da glicemia no grupo DM1, comparado ao controle ($p < 0,001$), enquanto que não foram observadas diferenças no grupo exposto ao BEV. Na análise histológica, não foram observadas diferenças entre os grupos com a coloração H&E, onde foram evidenciados arranjos normais das ilhotas, sem lesão aparente. Através da coloração de aldeído-fucsina, foi verificada uma degranulação das células β pancreáticas no grupo DM1. Não houve diferenças quanto à área das ilhotas e a densidade celular entre os grupos, porém houve um aumento significativo do *shape Z* ($p < 0,001$), demonstrando o potencial da STZ em alterar a forma das ilhotas. **Considerações finais** os dados desse estudo sugerem que uma única exposição ao BEV (via oral) não induz o diabetes em ratos Wistar, bem como não ocasiona alterações histomorfológicas no pâncreas. No entanto, mais estudos são necessários para avaliar o papel do enterovírus no diabetes, englobando uma exposição crônica ao vírus. (UNIVERSIDADE FEEVALE; FEEVALE)

Palavras-chave: Diabetes mellitus; enterovírus bovino; célula β pancreática.

¹Autor(es) ²Orientador(es)

Email (cristina.muller.nh@gmail.com e 0065044@feevale.br)



Correlação entre Índice de Massa Corporal e perfil lipídico em indivíduos com Diabetes Mellitus tipo 2.

Tabata Spellmeier Lange¹; Bruna de Oliveira Scherer¹; Matheus Lindenmeyer Welter¹; Daiane Bolzan Berlese²; Sabrina Esteves de Matos Almeida²

INTRODUÇÃO: o Diabetes *Mellitus* (DM) é uma doença crônica de etiologia múltipla decorrente da falta de insulina e/ou da incapacidade deste hormônio em exercer adequadamente seus efeitos. No DM tipo 2 a obesidade e sobrepeso são agravantes para esta doença e estão presentes na maioria desses indivíduos, sendo que a sua prevalência varia dependendo de fatores genéticos e ambientais. O sobrepeso é uma condição clínica que engloba alterações metabólicas como a resistência à insulina, que podem predispor a alterações relevantes do perfil lipídico. **OBJETIVO:** neste trabalho, objetivou-se avaliar a correlação entre Índice de Massa Corporal (IMC) e perfil lipídico em indivíduos com DM tipo 2. **MÉTODOS:** foram analisados 96 amostras de voluntários com DM tipo 2 com média de idade 55 anos, sendo 26 homens e 70 mulheres. Inicialmente foi calculado o IMC pela relação do peso corporal (em quilogramas) dividido pela estatura em metros ao quadrado, posteriormente foi coletado uma amostra de sangue para dosagem de perfil lipídico (triglicerídeos, colesterol total, HDL e LDL). As amostras foram processadas no laboratório de biomedicina da Universidade Feevale por kits da marca Labtest. Para avaliar a correlação de IMC e perfil lipídico, inicialmente foi realizado o teste de Kocmogorov - Smirnov, teste este para verificar se as variáveis atendem aos critérios de normalidade. Posteriormente foi utilizado ANOVA, uma vez que as variáveis se comportam normalmente. Os dados estão expressos com média + desvio padrão da média. **RESULTADOS:** os valores de IMC para a amostra foi 27,4 + 4,4; triglicerídeos 107,3 + 55,4; colesterol total 181,61 + 49,4; HDL 45 + 10,1; LDL 115,2 + 46,3. A análise estatística não mostrou uma correlação significativa ($p > 0,05$) para os valores de IMC e perfil lipídico nesta amostra. **CONCLUSÃO:** observou-se nesta amostra que os valores de IMC não estão correlacionados com o perfil lipídico dos indivíduos, possivelmente devido ao fato de os voluntários apresentarem um perfil lipídico clinicamente considerado normal, embora tenha se observado um sobrepeso. Assim são necessários mais estudos para compreender melhor a relação existente entre IMC, perfil lipídico e DM. (UNIVERSIDADE FEEVALE; PIBC – EM; FEEVALE)

Palavras-chave: Perfil lipídico, Diabetes e IMC

¹Autor(es) ²Orientador(es)

Email (tabata_lange@hotmail.com e 0065044@feevale.br)



Danos de DNA avaliados em floricultores pelo teste de micronúcleo e ensaio cometa

Camila Morschbacher Wilhelm¹; Adriani Kunz Calsing¹; Luciano Basso da Silva²

Introdução: Agrotóxicos são amplamente utilizados na floricultura, tendo a finalidade de proteger as flores de pragas. Contudo, o floricultor, ao entrar em contato com esses pesticidas, encontra-se potencialmente exposto a substâncias genotóxicas e/ou mutagênicas, podendo levar ao desenvolvimento de algumas doenças crônicas, como câncer, Alzheimer, Parkinson entre outras.

Objetivos: O objetivo do presente estudo foi avaliar os possíveis efeitos genotóxicos e mutagênicos em floricultores de uma região do estado do Rio Grande do Sul, Brasil, pelo teste de micronúcleo (MN) em células epiteliais da mucosa oral e pelo ensaio cometa em sangue total. **Metodologia:** Participaram do estudo 37 floricultores e 37 indivíduos não expostos a agrotóxicos. O teste de micronúcleo foi realizado com células epiteliais da mucosa oral, com a coloração de Feulgen-Fast Green. Na análise microscópica, duas mil células foram avaliadas por indivíduo, verificando-se a frequência de MN e a frequência de outras anormalidades nucleares. Para o ensaio cometa, foi coletada uma gota de sangue total e feita a coloração com nitrato de prata. Cem células foram classificadas em classes de 0 a IV, gerando a frequência de células com dano e o índice de dano.

Resultados: Não houve diferença estatisticamente significativa para a frequência de MN e de outras anormalidades nucleares nas células epiteliais, enquanto o ensaio cometa mostrou frequência de células com dano de DNA e índice de dano significativamente maiores para o grupo dos floricultores ($p < 0,001$ e $p = 0,002$, respectivamente). **Conclusão:** Os resultados sugerem, portanto, que esses trabalhadores estão expostos a substâncias genotóxicas. (UNIVERSIDADE FEEVALE; CNPQ)

Palavras-chave: Teste de micronúcleo. Ensaio cometa. Agrotóxicos. Floricultores.

¹Autor(es) ²Orientador(es)

Email (camilawilhelm@gmail.com e lucianosilva@feevale.br)



DESENVOLVIMENTO DE MÉTODO PARA DETERMINAÇÃO PLASMÁTICA DE DEXTROMETORFANO E DEXTRORFANO POR CLAE-FL PARA FENOTIPAGEM DA CYP2D6

Vanessa de Oliveira¹; Marina Venzon Antunes¹; Rafael Linden²

Tema: Desenvolvimento e validação de método bioanalítico. **Justificativa:** A enzima CYP2D6 está envolvida no metabolismo de aproximadamente 25 % dos fármacos e sua atividade apresenta alta variabilidade interindividual, sobretudo como consequência de polimorfismos genéticos. O dextrometorfano (DMT) é o fármaco sonda de escolha para a fenotipagem da CYP2D6, devido a sua única via de metabolização à dextrorfano (DTF) e sua segurança. O índice de atividade enzimática é determinado pela razão metabólica do fármaco DMT e seu metabólito DTF. **Objetivo:** Desenvolver e validar um método para a determinação de DMT e DTF em plasma por cromatografia líquida de alta eficiência com detector de fluorescência (CLAE-FL) como ferramenta para a fenotipagem da CYP2D6. **Métodos:** Foram preparados calibradores em plasma no intervalo de 1 a 100 ng/mL para o DMT e de 10 a 1000 ng/mL para o DTF. Quinhentos microlitros da amostra de plasma foram hidrolisados com adição de 500 µL de β-glucuronidase 1000 U/mL e incubação em banho-maria a 37°C por 18 horas. Posteriormente foram adicionados de 50 µL de PI (propranolol 0,1 µg/mL), 400 µL de tampão fosfato pH 10 e extraídos com 3 mL de MTB. Após homogeneização e centrifugação, a fase orgânica foi transferida para novo tubo e os analitos re-extraídos com 200 µL de ácido fosfórico 0,1%. Uma fração de 50 µL do extrato aquoso foi injetada no CLAE-FL. A análise empregou coluna cromatográfica Hypersil Gold® C18 (150 x 4,6 mm, 3 µm), mantida a 40 °C. A fase móvel foi mistura de tampão fosfato 0,1 M pH 6,0 e acetonitrila (75:25, v/v, 0,1% de trietilamina), com fluxo de 1 mL/min. O Comprimento de onda de excitação foi de 280 nm e o de emissão foi 320 nm. Foram testadas linearidade, sensibilidade, precisão, exatidão e rendimento da extração. **Resultados** A análise cromatográfica foi de 11 minutos, com tempos de retenção de DTF 3,2 min, PI 6,1 min e DMT 8,8 min. Foram obtidos extratos com elevada pureza e alta recuperação dos analitos, acima de 85 %. As curvas de calibração apresentaram linearidade adequada ($r^2 > 0,99$). Os limites de quantificação foram satisfatórios, 1 ng/mL para DMT e 10 ng/mL para o DTF. O método foi preciso e exato, com CV% < 15 % e exatidão entre 85 e 115 %. **Conclusão:** Foi desenvolvido e validado um método para a determinação de DMT e DTF por CLAE-FL com alta sensibilidade. A partir do método desenvolvido, serão avaliados os fenótipos de metabolização da CYP2D6 em pacientes com câncer de mama em terapia adjuvante com tamoxifeno. (FEEVALE; UNIVERSIDADE FEEVALE)

Palavras-chave: dextrometorfano, dextrorfano, CLAE-FL, fenotipagem, CYP2D6.

¹Autor(es) ²Orientador(es)

Email (nessah.deoliveira@gmail.com e rafael.linden@feevale.br)



DESENVOLVIMENTO DE METODOLOGIA DE DETECÇÃO MOLECULAR DE ROTAVIRUS EM AMOSTRAS DE ÁGUA

Rafael Bandeira Fabres¹; Larissa Ferreira de Jesus¹; Francini Pereira da Silva¹; Roger Bordin da Luz¹; Rodrigo Staggemeier¹; Fernando Rosado Spilki²

Dentre os vírus entéricos candidatos à bioindicadores da qualidade virológica das fontes hídricas estão os rotavírus A (GARV), que pertencem à família *Reoviridae*. O rotavírus é excretado em grande quantidade pela via fecal, mesmo a partir de indivíduos assintomáticos. Entre os agentes infecciosos que causam diarreia (vírus, bactérias, parasitos, toxinas), o rotavírus é considerado o mais importante agente etiológico causador de diarreia aguda na infância pelo mundo. A maioria das crianças se infecta nos primeiros anos de vida, porém os casos mais graves ocorrem principalmente em crianças de até dois anos de idade. Assim este estudo se deteve à padronização de uma reação em cadeia da polimerase em tempo real (qPCR) complementada por curva de dissociação de alta resolução (HRM). O GARV foi cultivado em células MA-104 e titulado em microplacas para calibração da curva padrão. Para extração de ácidos nucleicos virais foi utilizado o kit comercial RTP DNA/RNA Virus Mini Kit (Invitex®). O DNA obtido foi usado como molde para a amplificação por qPCR. A reação de qPCR foi realizada utilizando SyberGreen com os iniciadores denominados ROTAFEEVALE-FW (5'-GATGTCCTGTACTIONCTTGT-3') e ROTAFEEVALE-VER (5'-GGTAGATTACCAATTCCTCC) que amplificam em torno de 110 pb do fragmento genômico alvo. Quanto à sensibilidade analítica, observou-se que o protocolo padronizado é capaz de detectar fragmentos genômicos alvos no limiar de uma partícula viral presente na amostra, tendo em vista que em uma suspensão viral cuja carga viral inicial era de 10^{6,8} DICC / 50µL (doses infecciosas para 50% dos cultivos celulares / 50µL), conforme ensaio de titulação realizado, detectou-se o DNA em uma diluição de 10⁻⁵ da suspensão viral. Esta padronização é relevante para rastrear a fonte da contaminação fecal. (UNIVERSIDADE FEEVALE; FAPERGS, CNPQ, FINEP, CAPES, UNIVERSIDADE FEEVALE)

Palavras-chave: rotavírus, padronização, qPCR.

¹Autor(es) ²Orientador(es)

Email (rafafabres@hotmail.com e fernandors@feevale.br)



DESENVOLVIMENTO DE PROTOCOLO DE COLORAÇÃO DE CARTILAGEM ELÁSTICA PARA LÂMINAS DE COLEÇÃO DIDÁTICA

Bianca Maria Urnau¹; Érico Luiz Silvestro Filho¹; Fanthini de Bona Bernardi¹; Gunther Gehlen²

TEMA Padronização de protocolo para coloração de lâminas histológicas permanentes. **JUSTIFICATIVA** As atividades práticas de microscopias representam um elemento estratégico no processo de ensino aprendizagem de Histologia. Desta forma faz-se necessário a disponibilidade lâminas permanentes representativas de cada tecido e com o devido destaque as estruturas que o caracterizam, através de técnicas de coloração específicas. **OBJETIVOS** Padronizar um protocolo de coloração com orceína para lâminas permanentes de cartilagem elástica. **METODOLOGIA** Foi utilizado o protocolo padrão de coloração com solução de orceína, avaliando-se diferentes tempos de incubação. Os cortes foram desparafinados e hidratados, corados com a solução de hematoxilina e posteriormente em solução de orceína por 30, 45 ou 60 minutos; enxaguados em água destilada; clareados em álcool 95%; incubados no álcool absoluto por 10, 20 ou 30 minutos; novo clareamento em álcool ácido (1ml de HCl em 99ml de álcool 70%) por 2, 5 ou 10 minutos; lavados em água corrente por 5 minutos; desidratadas em protocolo padrão e colada a lamínula com bálsamo do Canadá. **RESULTADO** : Após as análises das lâminas confeccionadas observou-se que a melhor coloração foi obtida ao deixar as lâminas durante 45 minutos na solução de orceína, 20 minutos no álcool absoluto e 2 minutos no álcool ácido. Pois nos demais tempos havia pouco contraste das fibras em relação ao tecido adjacente, seja por fibras pouco coradas seja por fundo muito corado. **CONSIDERAÇÕES FINAIS:** O desenvolvimento e aprimoramento de técnicas histológicas são de grande relevância para o processo de ensino-aprendizagem da Histologia nos cursos de graduação, assim este trabalho amplia as possibilidades de atividades práticas nas disciplinas desta Universidade a partir dos resultados obtidos. (UNIVERSIDADE FEEVALE; FEEVALE)

Palavras-chave: Cartilagem elástica. Protocolo. Coloração com orceína.

¹Autor(es) ²Orientador(es)

Email (biaurnau@hotmail.com e guntherg@feevale.br)



DESENVOLVIMENTO E VALIDAÇÃO DE MÉTODO PARA DETERMINAÇÃO PLASMÁTICA DE OMEPRAZOL E OMEPRAZOL SULFONA POR CLAE-DAD PARA FENOTIPAGEM DA CYP3A4

Vanessa de Oliveira¹; Marina Venzon Antunes¹; Rafael Linden²

Tema: Desenvolvimento e validação de método bioanalítico. **Justificativa:** A CYP3A4 é a isoenzima CYP mais abundante no fígado, sendo responsável pelo metabolismo de aproximadamente 50% dos fármacos. Sua atividade é caracterizada por alta variabilidade interindividual, como consequência de fatores ambientais e polimorfismos genéticos. O omeprazol (OME) é o fármaco sonda de escolha para a fenotipagem da CYP3A4, devido a sua via única de metabolização pela enzima à omeprazol sulfona (OMS), além de sua elevada segurança. O índice de atividade enzimática é determinado pela razão das concentrações plasmáticas de OME e OMS. **Objetivo:** Desenvolver e validar um método para a determinação de OME e OMS em plasma por cromatografia líquida de alta eficiência com detector de arranjo de diodos (CLAE-DAD), como ferramenta para fenotipagem da CYP3A4. **Métodos:** Foram preparados calibradores em plasma no intervalo de 30 a 1.000 ng/mL. Os analitos foram extraídos de 500 µL do plasma com a adição de 100 µL PI (sulpirida 10 ug/mL), 400 µL de tampão TRIS pH 10 e 1 mL de acetato de etila. Após homogeneização e centrifugação, foram transferidos para novo tubo 700 µL da fase orgânica e evaporados à 50°C por 40 min. O extrato foi retomado com 100 µL de fase móvel e 50 µL foram injetados no CLAE-DAD. A análise empregou coluna Lichrospher® RP18 (250 x 4,0 mm, 5 µm), mantida a 40 °C. A fase móvel foi mistura de tampão fosfato pH 7,6 e acetonitrila (72:28, v/v) com fluxo de 1,2 mL/min. Os cromatogramas foram monitorados em 302 nm. Foram testados a seletividade (n=6), linearidade (30 a 1000 ng/mL, n=42), precisão, exatidão (n=45, 40; 300 e 900 ng/mL), rendimento da extração (n=27) e sensibilidade (30 ng/mL, n=9). **Resultados:** Os tempos de retenção dos analitos foram PI 3,0 min, OMS 7,4 min e OME 8,7 min, com corrida de 11 minutos. Não foram observados picos interferentes com o mesmo tempo de retenção dos analitos. O método foi linear no intervalo de 30 a 1.000 ng/mL ($r > 0,99$), preciso (CV % 4,35 a 10,72%) e exato (98 e 105 %). Foram obtidos extratos com elevada pureza e satisfatória recuperação dos analitos (60 a 69%). O método apresentou sensibilidade adequada (LQ 30 ng/mL), considerando as concentrações esperadas nos diferentes fenótipos da CYP3A4. **Conclusão:** Foi desenvolvido e validado um método para a fenotipagem da CYP3A4 através da quantificação do fármaco sonda OME e seu metabólito OMS por CLAE-DAD. O método poderá ser aplicado na avaliação farmacogenética do metabolismo da CYP3A4. (FEEVALE; UNIVERSIDADE FEEVALE)

Palavras-chave: Omeprazol, omeprazol sulfona, CLAE-DAD, fenotipagem, CYP3A4.

¹Autor(es) ²Orientador(es)

Email (nessah.deoliveira@gmail.com e rafael.linden@feevale.br)



DETECÇÃO DE ADENOVÍRUS HUMANOS E ANIMAIS EM AMOSTRAS DE ÁGUA BRUTA DO RIO DOS SINOS E AFLUENTES

Larissa Ferreira de Jesus¹; Isabel Cristina Giehl¹; Mayra Cristina Soliman¹; Andreia Henzel¹; Caroline Rigotto Borges¹; Fernando Rosado Spilki²

A bacia Hidrográfica do Rio dos Sinos é situada no nordeste do estado do Rio Grande do Sul, assenta-se sobre uma porção de afloramento do sistema Aquífero Guarani. Com suas características físico-químicas, a contaminação por vírus entéricos pode ser frequente, mesmo na ausência de coliformes. Adenovírus de diferentes espécies, incluindo os adenovírus humanos (HAdV), adenovírus bovinos (BAV), adenovírus caninos (CAV), os adenovírus aviários (AvAdV) e o adenovírus porcino (PoAdV) constituem exemplos importantes de vírus entéricos veiculados através da água e causador de enfermidades em humanos e animais. Esses patógenos são eliminados em grandes quantidades pelas fezes de animais e de humanos infectados e podem permanecer viáveis e infecciosos durante vários meses no ambiente e contaminam, assim, a água destinada ao consumo humano. No Brasil, a portaria do 2914/2011-MS considera os coliformes como único parâmetro de contaminação da água, entretanto, para a análise viral apenas há uma recomendação para o monitoramento do mesmo, somente em caso de surtos haverá uma análise mais apropriada de vírus em amostras de água. Portanto, torna-se muito importante a avaliação da presença desses organismos nas águas captadas para consumo humano. No presente trabalho, visando à detecção molecular de HAdV, CAV, BAV, PoAdV e AvAdV foram analisadas amostras de água bruta coletadas nas estações de tratamento de água dos municípios de Esteio, Nova Santa Rita, Taquara, Parobé, Campo Bom, Santo Antônio da Patrulha, Três Coroas e Rolante no período de julho a dezembro de 2012. Quarenta e seis amostras (46) de água bruta foram coletadas em frascos estéreis de 500 mL de julho de 2012 a dezembro de 2012 e submetidas a um processo de concentração por adsorção/eluição. Após essa etapa, foi realizada a extração do DNA/RNA viral através de um kit comercial (RTP DNA/RNA Vírus Mini kit Invitex). A detecção viral ocorreu através da reação em cadeia da polimerase em tempo real (qPCR) utilizando oligonucleotídeos com potencial alinhamento em regiões altamente conservadas do genoma viral. Dentre as amostras processadas, 28% (13/46) foram positivas para HAdV, 60% (28/46) positivas para CAV, 6,5% (3/46) positivas para BAV e PoAdV e 2% (1/46) positivas para AvAdV. Os resultados sugerem a presença de uma elevada contaminação fecal de fontes urbanas (humanos e caninos) na Bacia Hidrográfica do Rio dos Sinos. (UNIVERSIDADE FEEVALE; CNPQ, FAPERGS, CAPES, FEEVALE)

Palavras-chave: vírus entéricos; Rio dos Sinos; detecção molecular.

¹Autor(es) ²Orientador(es)

Email (larissafj@gmail.com e fernandors@feevale.br)



DETECÇÃO MOLECULAR DE VÍRUS ENTÉRICOS EM PROPRIEDADES RURAIS NA AVALIAÇÃO DA QUALIDADE AMBIENTAL EM ÁGUAS E SEDIMENTOS.

Tatiana Moraes da Silva Heck¹; Marina Bortoluzzi¹; Cintia Weiler¹; Rodrigo Staggemeier¹; Fernando Rosado Spilki¹; Sabrina Esteves de Matos Almeida²

Os vírus entéricos estão presentes em diferentes espécies de mamíferos e são excretados em grandes quantidades nas fezes de humanos e animais infectados. Considerados bons indicadores biológicos de poluição ambiental, podem se depositar no solo ou na água, sendo muito resistentes ao ambiente bem como no trato gastrointestinal. Transmitidos de forma fecal-oral, a presença de tais microrganismos no ambiente revela a contaminação fecal, trazendo risco à saúde humana e tornando-se um importante problema de saúde pública. No presente trabalho, visando à detecção molecular de vírus entéricos, Rotavírus (RV) e Enterovírus (EV), foram analisadas 55 amostras de águas e 20 amostras de sedimentos de 21 propriedades rurais das cidades de Rolante e Riozinho. Para a análise viral foi realizada a extração do DNA/RNA viral das amostras de águas e sedimentos, seguida da síntese de cDNA por transcrição reversa. A detecção viral de RV foi realizada por meio da reação em cadeia da polimerase (PCR), enquanto o EV por PCR em tempo real (qPCR). Das 55 amostras analisadas de água, detectamos 25,5% de RV e 1,8% de EV. Nas 20 amostras analisadas de sedimentos, foram detectados 30% de RV e nenhuma amostra positiva para EV. Os resultados encontrados sugerem uma contaminação fecal de origem humana e animal nas amostras analisadas das propriedades rurais, tornando o homem susceptível às doenças diarreicas agudas ou outro agravo de transmissão fecal-oral, o que revela a importância de um monitoramento eficaz da qualidade do ambiente. (UNIVERSIDADE FEEVALE; CNPQ, FAPERGS, CAPES, FEEVALE)

Palavras-chave: Vírus Entéricos; Biologia Molecular; Qualidade Ambiental.

¹Autor(es) ²Orientador(es)

Email (tatianaheck@terra.com.br e 0070703@feevale.br)



EFEITOS DA COMPOSTAGEM AUTOMATIZADA NA DISPERSÃO E REMOÇÃO DE DIFERENTES ESPÉCIES DE ADENOVÍRUS EM SOLOS TRATADOS COM DEJETOS SUÍNOS

Mayra Cristina Soliman¹; Mônica Luísa Sperling Trapp¹; Francini Pereira¹; Larissa Ferreira de Jesus¹; Fernanda Gil de Souza¹; Fernando Rosado Spilki²

A suinocultura é considerada uma atividade potencialmente deteriorante ao meio ambiente devido aos poluentes que podem estar contidos nos efluentes gerados. Com o objetivo de reduzir o impacto ambiental, existem vários sistemas de tratamento de dejetos, incluído a compostagem automatizada. No entanto, pouco se sabe acerca da eficácia deste método para a remoção de microrganismos. Entre os possíveis microrganismos presentes no dejetos suíno estão os adenovírus (AdV), membro da família *Adenoviridae*, constituído por genoma de DNA dupla fita. O objetivo deste trabalho foi avaliar a eficiência do sistema de compostagem automatizada na eliminação de diferentes espécies de AdV (canino, CAV; aviário, AvAdV; bovino, BAV; humano, HAdV e AdV porcino) em dejetos suíno. Para tanto, foi desenvolvida uma unidade de compostagem automática localizada no departamento de Zootecnia da Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), utilizando dejetos provenientes de unidade de terminação de suínos e maravalha como substrato. A frequência de aplicação dos resíduos nas leiras e seu revolvimento ocorreram a cada cinco dias. Foram coletadas doze amostras do resíduo líquido antes de sua adição ao substrato e oitenta e seis do composto (dejetos mais maravalha) para análise viral. As amostras do composto foram diluídas com Meio Essencial Mínimo (MEM), para ser realizada a extração do DNA viral e a reação em cadeia da polimerase em tempo real (qPCR). A reação utilizou oligonucleotídeos desenhados a partir das sequências completas dos genes virais alvo, que possibilitaram a detecção de diferentes espécies de AdV. Das doze amostras de dejetos líquidos analisados antes da compostagem, todas estavam contaminadas por BAV. Das oitenta e seis amostras do composto, apenas 8,1% (07/86) resultaram positivas para alguma espécie de AdV, havendo contaminação cruzada entre as amostras. Destas, 42,86% (03/07) resultaram positivas para AvAdV e 28,57% (02/07) para CAV, BAV e AdV porcino. Estes resultados indicam que o processo não obteve total eficácia, sendo necessário mais estudo para aprimorar o tratamento e apontar a contaminação do solo, mesmo sob ambiente controlado, por adenovírus de diferentes hospedeiros. (UNIVERSIDADE FEEVALE; CNPQ, FAPERGS, FEEVALE)

Palavras-chave: adenovírus. compostagem. qPCR.

¹Autor(es) ²Orientador(es)

Email (mayra_soliman@hotmail.com e fernandors@feevale.br)



ESTUDO CITOPATOLÓGICO PILOTO EM EXPOSIÇÃO OCUPACIONAL NA PRODUÇÃO DE CARVÃO VEGETAL

Wagner de Aguiar Raupp¹; Leandro Corrêa¹; Djeine Kaefer¹; Bruna Daniele Boff¹; Natássia Murillo Terribele¹; Miriam Alice Frantz²; Olyr Celestino Kreutz²; Angela Beatrice Dewes Moura²; Patricia Grolli Ardenghi.²

Estudos tem demonstrado que durante a produção de carvão vegetal, desde a queima até o ensacamento ocorre a emissão de poluentes e material particulado (MP). Substâncias presentes no MP podem induzir o aparecimento de reações inflamatórias, alergias, hiperplasia epitelial, metaplasia ou mesmo ser um fator desencadeante de transformação maligna. Este trabalho têm por objetivo avaliar aspectos clínicos associados à produção do carvão vegetal, através de um estudo citopatológico em amostras de escarro. Os achados revelaram a inexistência de acúmulos de MP em macrófagos obtidos de escarro e secreção nasal dos trabalhadores em estudo. Apesar do exame citopatológico, não ter mostrado resultados clínicos e estatísticos significativos, através deste estudo foi possível verificar a necessidade de pesquisas mais abrangentes com este grupo de trabalhadores. (UNIVERSIDADE FEEVALE)

Palavras-chave: Exposição ocupacional. Carvoarias. Citopatológico. Escarro.

¹Autor(es) ²Orientador(es)

Email (wagneraupp@yahoo.com.br e raupp@feevale.br)



ESTUDO DOS EFEITOS TÓXICOS DO CROMO SOBRE ALGUNS PARÂMETROS BIOQUÍMICOS EM INDIVÍDUOS EXPOSTOS AO METAL

Duane Rost Bianchini¹; Luciane Rosa Feksa²

Introdução O cromo (Cr) é um dos metais mais abundantes na terra e é tóxico para os organismos vivos e ecossistemas. O Cr existe principalmente em dois estados de valência na natureza: cromo hexavalente [Cr (VI)] e trivalente [cromo (III)]. Muitos processos industriais tais como: cromagem industrial, soldagem, pintura, acabamentos de metais, fabricação de aço, ferro-ligas e tratamento da madeira envolvem uma exposição do homem a metais tóxicos como o Cr, conhecido por causar prejuízo à saúde humana. O Cr(VI) tem vários efeitos tóxicos, tais como: genotoxicidade, carcinogênese, mutações no DNA e alteração na atividade de enzimas. Sabe-se que metais como zinco, cádmio, mercúrio, cromo e chumbo tem grande afinidade com grupos tióis (SH) de aminoácidos, portanto há a possibilidade do Cr se combinar com o eritrócito afetando a composição de proteínas da membrana e alterando a atividade de algumas enzimas importantes para o metabolismo do mesmo, podendo-se usar a atividade destas enzimas como biomarcadores de toxicidade do Cr, auxiliando no diagnóstico, monitoramento e tratamento de indivíduos expostos ao metal. **Objetivos** Este trabalho tem por objetivo estudar o efeito do Cr sobre alguns parâmetros bioquímicos e a atividade de enzimas relacionadas com o metabolismo celular nos indivíduos expostos ao metal. **Metodologia:** Nestes indivíduos, além do grupo controle (não exposto), o sangue foi coletado, centrifugado e armazenado para a atividade das enzimas através de kits e metodologias aprovadas na literatura. **Conclusão:** a toxicidade do Cr pode dever-se, ao menos em parte, à alteração do metabolismo celular, onde as enzimas estudadas podem ser usadas como biomarcadores da toxicidade do Cr em indivíduos expostos ao metal. Portanto, este trabalho visou identificar alvos metabólicos importantes na intoxicação por Cr em humanos, assim como visa contribuir com o avanço da área de Toxicologia. (UNIVERSIDADE FEEVALE; FAPERGS, FEEVALE)

Palavras-chave: Cromo, Humanos, Enzimas

¹Autor(es) ²Orientador(es)

Email (0100045@feevale.br e 0070776@feevale.br)



Estudo em modelo animal submetidos a dieta hiperlipídica indica que o óleo de coco pode ser prejudicial à saúde por alterar o quadro glicêmico

Mariana de Avila Dornelles¹; Anelise Teresinha Presotto¹; Duane Rost Bianchini¹; Luciane Rosa Feksa²; Eloir Dutra Lourenco²

Tema: A obesidade é uma doença crônica, multifatorial, definida como um acúmulo anormal ou excessivo de gordura no organismo que pode acarretar graves problemas de saúde tais como: diabetes e esteatose hepática. **Justificativa:** O ácido láurico é um ácido graxo saturado pouco estudado na literatura, encontrado em grandes quantidades no óleo de coco, em torno de 46%. **Objetivo** Realizar o teste de tolerância à glicose em jejum e nos tempos 30, 90 e 120 minutos após a aplicação de 2 mg/g de glicose via intraperitoneal, assim como avaliar alguns parâmetros bioquímicos nos animais submetidos à dieta hiperlipídica com óleo de coco. **Metodologia** Foram utilizados trinta ratos Wistar machos de sessenta dias de vida, randomizados em três grupos: dieta controle; dieta com óleo de coco e dieta com banha de porco. Após 4 meses de tratamento, os animais foram sacrificados sem anestesia, o sangue coletado para quantificar a glicemia e análises bioquímicas. O fígado foi imediatamente removido para análises bioquímicas. Os dados foram expressos em média e desvio padrão e analisados pela ANOVA-One Way seguida pelo teste de Tukey quando F for significativa ($p < 0,05$). **Resultados:** O grupo da dieta com banha de porco apresentou ganho de peso quando comparado com o grupo controle e ácido láurico, mostrando que é capaz de causar obesidade. Ambos os grupos óleo de coco e banha de porco mostram aumento da glicemia quando comparado com o controle. **Considerações finais:** Uma dieta hiperlipídica com banha de porco é capaz de causar obesidade, enquanto que uma dieta rica em óleo de coco apesar de não causar obesidade pode induzir a diabetes. (UNIVERSIDADE FEEVALE; FEEVALE, FAPERGS, UFRGS)

Palavras-chave: Obesidade. Diabetes Mellitus. Glicemia. Ácido Láurico. Óleo de Coco.

¹Autor(es) ²Orientador(es)

Email (mary_dornelles@hotmail.com e 0070776@feevale.br)



INFLUÊNCIA DAS ADIPOCINAS SOBRE PERFIL LIPÍDICO EM INDIVÍDUOS COM EXCESSO DE PESO CORPORAL

Angelita Purper Aroche¹; Luiz Guilherme Hendrichsky¹; Isabel Rodrigues¹; Carlos Augusto Ronconi Vasques²; Simone Rossetto²

Tema: Leptina e adiponectina são hormônios secretados pelo tecido adiposo (adipocinas). Estudos tem sugerido relação entre resistência à leptina e a obesidade, bem como a adiponectina sendo um fator protetor de alterações metabólicas. **Justificativa** Alterações na secreção destas adipocinas poderiam se associar à etiologia da obesidade e suas comorbidades. **Objetivo** Avaliar o grau de correlação e predição dos níveis séricos de leptina (LEP) e adiponectina (ADIP) sobre o perfil lipídico de indivíduos com excesso de peso corporal. **Metodologia** Em estudo observacional transversal, o perfil lipídico foi correlacionado à LEP e ADIP de 28 voluntários (20 mulheres e 8 homens), com idade de 20-40 anos (35,8±7,4 anos) e IMC entre 25-40 kg/m² (33,2 ±4,8 kg/m²). Como variáveis antropométricas foram utilizadas o percentual de gordura corporal (%GC) e a relação cintura-quadril (RCQ). Os níveis séricos de triglicerídeos (TG), colesterol total (CT) e HDL foram mensurados por método enzimático colorimétrico e o LDL pela equação de Friedwald. LEP e ADIP foram obtidas por ELISA. Para estatística foi usado o teste de correlação de Pearson e um modelo de regressão linear simples para ajuste e predição entre variáveis. **Resultados** LEP (média 39,25±22,6 ng/mL) correlacionou-se ao CT (p=0,027), HDL (p=0,041) e LDL (p=0,033), mas não ao TG. Já a ADIP (média 23,8 ±10,6 ng/mL) apresentou correlação positiva somente com HDL (p=0,006). Após ajuste de LEP ao %GC, apenas CT e LDL mantiveram significativa correlação. A partir da análise de predição pôde-se inferir que uma variação de 10 ng/mL de LEP ajustada promove alteração média de 4,4 mg/dL de CT e 3,7 mg/dL de LDL (p=0,015 e 0,028, respectivamente). Após ajustar ADIP à RCQ, os níveis séricos de ADIP ainda mantiveram correlação com HDL (p=0,031). Por análise de predição inferiu-se que a elevação de 0,1 unidades da RCQ promove redução média de 6,2 mg/dL de HDL (p=0,001). Quando analisado através de um modelo de regressão linear múltipla, a contribuição média para alteração de HDL das variáveis RCQ e ADIP em conjunto passa para 43% (p= 0,001). **Considerações finais:** A partir destes resultados, conclui-se que a leptinemia parece influenciar diretamente os níveis séricos de CT e LDL, mas a relação entre LEP e HDL ocorre de forma independente, sendo provavelmente influenciada pela gordura corporal. A relação direta encontrada entre ADIP e HDL vai de encontro à ideia de que esta adipocina apresenta-se como fator protetor cardiovascular. (UNIVERSIDADE FEEVALE; FEEVALE)

Palavras-chave: obesidade, adipocinas, perfil lipídico, leptina, adiponectina

¹Autor(es) ²Orientador(es)

Email (arochelita@gmail.com e carlosrv@feevale.br)



Influência do polimorfismo Lys939Gln do gene XPC sobre as taxas de danos no DNA de trabalhadores expostos a agrotóxicos

Eduardo Artur Troian¹; Luciano Basso da Silva²

Sabe-se que a exposição ocupacional a poluentes é fator de risco para a saúde humana. Alguns estudos demonstram que agricultores, devido à exposição aos agrotóxicos, apresentam aumento nas taxas de dano no DNA, o que poderia desencadear processos de carcinogênese e morte celular. As enzimas dos mecanismos de reparo são responsáveis pela manutenção da integridade do DNA e polimorfismos nestes genes podem influenciar o nível de alterações citogenéticas provocadas pela exposição a agentes genotóxicos. O gene XPC (*Xeroderma pigmentosum group*) participa do reparo por meio da excisão de nucleotídeos e possui um polimorfismo no exon 15 resultante da troca de uma adenina por uma citosina (*Lys939G*). O objetivo deste trabalho é avaliar a influência do polimorfismo *Lys939G* sobre as taxas de danos no DNA de trabalhadores expostos a agrotóxicos. Amostras de DNA de citricultores e de indivíduos não expostos a agrotóxicos do Vale do Caí, RS, foram genotipadas por PCR/RFLP e as frequências de micronúcleos (MN) e de outras anormalidades nucleares em células da mucosa oral foram comparadas entre os genótipos. Os resultados obtidos de 37 trabalhadores demonstram que as frequências genotípicas foram de 40,5% AA, 48,6% AC e 10,8% CC. A frequência média de MN por 1000 células foi de 0,00 para o genótipo AA, 0,03 para AC e 0,13 para CC, não apresentando diferenças significativas. Da mesma forma, não foram observadas diferenças entre os genótipos em relação à frequência de outras anormalidades nucleares. Resultados semelhantes foram observados no grupo controle. Os resultados sugerem que este polimorfismo do gene XPC não tem influência sobre as taxas de danos de DNA neste grupo de trabalhadores. (UNIVERSIDADE FEEVALE; FEEVALE)

Palavras-chave: Biomarcadores. XPC. Micronúcleo. Citricultores. Reparo de DNA.

¹Autor(es) ²Orientador(es)

Email (eatroia@gmail.com e lucianosilva@feevale.br)



INFLUÊNCIAS GENÉTICAS SOBRE ESCORES DE MEMÓRIA NO ENVELHECIMENTO: INTERAÇÃO ENTRE GÊNERO E O POLIMORFISMO TaqIA DO GENE DRD2/ANKK1

Cláudia Justin Blehm¹; Camila Korb¹; Daiani de Fátima Pires da Silva Bamberg¹; Roberta Sampaio Oliveira Lopes¹; Fabiana Michelsen de Andrade²; Luciana Alves Tisser²

Tema: A memória é a aquisição, a formação, a conservação e a evocação de informações. Com o envelhecimento, ocorre naturalmente uma diminuição no desempenho da memória, mesmora ausência de demência, ou de qualquer outra condição clínica que possa estar relacionada. **Justificativa** Sendo uma característica multifatorial, um dos genes candidatos é o DRD2 e codifica o subtipo D2 dos receptores da dopamina, um polimorfismo neste gene é denominado de *Ta IA* (rs1800497), um SNP descrito na região 3' do DRD2, cuja localização foi descoberta corresponder também ao gene ANKK1. Este SNP leva à troca de bases citosina por timina (C/T, correspondentes aos alelos A2/A1), ocasionando a substituição Glu713Lys, no exon 8 do gene ANKK1. **Objetivo:** Procurar analisar a interação entre este polimorfismo e gênero sobre escores de memória em voluntários a partir dos 50 anos sem nenhum tipo de demência declarada. **Metodologia:** Para a determinação de escores de memória, foram utilizados os testes Wechsler de memória lógica imediata e tardia, memória visual imediata e tardia, e do teste de aprendizado verbal de Rey, em uma amostra inicial de 367 voluntários. No entanto 123 indivíduos foram excluídos após serem avaliados por testes neuropsicológicos. A análise da variante investigada está sendo feita através de PCR-RFLP, com genótipos disponíveis para 193 voluntários até o momento (com idade média de $63.6 \pm 7,8$ anos, sendo 24,3% homens). Utilizando ANCOVA, escores de memória foram ajustados por gênero e grau de instrução, e comparados entre os genótipos. Para a análise de interação com gênero, um termo de interação gene x gênero foi inserido, e os escores ajustados somente por grau de instrução. **Resultados:** Até o momento 44,5% dos voluntários tiveram o genótipo A2/A2, 4,2% A1/A1 e 32,4% foram heterozigotos. A variante não foi associada significativamente com nenhum escore de memória de maneira isolada. Porém, interações com gênero foram detectadas: homens com genótipo A2/A2 tiveram uma média de memória visual imediata superior aos indivíduos portadores do alelo A1, enquanto mulheres com genótipo A2/A2 tiveram uma média inferior às portadoras do alelo A1 ($p=0,07$). A mesma interação foi observada para memória visual tardia, e a mesma foi bem mais pronunciada ($p=0,007$). **Considerações finais:** Os dados demonstram a modulação das influências genéticas sobre a memória, pelo status hormonal. O estudo continua em andamento, o que poderá trazer novos resultados para os outros tipos de memória. (UNIVERSIDADE FEEVALE; UNIVERSIDADE FEEVALE, CNPQ, FAPERGS)

Palavras-chave: Memória. DRD2. Gênero. Envelhecimento.

¹Autor(es) ²Orientador(es)

Email (claudinhajb@hotmail.com e fabiana.andrade@feevale.br)



Interação entre o polimorfismo de inserção/deleção do gene ECA e o padrão de diversidade de atividades diárias sobre escores de memória no envelhecimento.

Camila Korb¹; Cláudia Justin Blehm¹; Nara Regina Schunck Krein¹; Daiani de Fátima Pires da Silva Bamberg¹; Fabiana Michelsen de Andrade²

Tema: O Sistema Renina-Angiotensina tem sido muito pesquisado com relação ao seu papel no cérebro, já que este poderia interferir na modulação da memória. Além disso, a estimulação mental através de diferentes tipos de atividades ao longo da vida também parece modificar, benéficamente, a memória. **Justificativa:** A Enzima Conversora de Angiotensina (ECA) é o elemento chave deste sistema, e um polimorfismo de inserção/deleção no gene que codifica esta enzima poderia alterar a sua atividade, assim como a memória. **Objetivo:** O presente estudo examinou os efeitos deste polimorfismo e do padrão de diversidade de atividades diárias sobre escores de memória em voluntários acima de 50 anos sem nenhum tipo de demência declarada. **Metodologia:** Foram realizadas avaliações de cinco tipos de memória, através dos testes de Weschler e de Aprendizado Verbal de Rey. Inicialmente 367 voluntários foram avaliados, mas 123 foram excluídos por utilizarem psicotrópicos, ou possuir QI abaixo de 70, ansiedade, depressão ou estresse. Totalizaram 244 indivíduos participantes do projeto, dos quais 157 já foram genotipados para a variante em questão (com média de $62,7 \pm 7,6$ anos, e 26,8% de homens). A análise genética foi feita por PCR. A diversidade do padrão de atividades diárias foi avaliada através de um questionário sobre a prática de 25 diferentes atividades no período atual e também antes dos 40 anos, através do qual cada voluntário recebeu um escore de 0 a 1, indicando a proporção do total de atividades praticadas sobre o total de atividades pesquisadas. A análise de interação foi realizada por regressão linear múltipla, na qual foram inseridas as variáveis genótipo para ECA (del/del versus portadores do alelo ins), padrão de diversidade de atividades diárias, além do termo de interação entre estas duas variáveis. Interações significantes foram interpretadas utilizando a equação de regressão linear. **Resultados parciais:** Com relação à variante do gene ECA, 28% da amostra possuem genótipo del/del, 22,3% genótipo ins/ins e 49,7% são heterozigotos. Foi possível detectar uma tendência de interação entre o genótipo para ECA e o padrão de diversidade de atividades no período atual ($p=0,079$), demonstrando que a influência benéfica da diversidade de atividades é mais pronunciada nos portadores del/del. **Considerações finais:** O projeto continua em andamento e novas interações ainda podem ser detectadas. (UNIVERSIDADE FEEVALE; FAPERGS, FEEVALE.)

Palavras-chave: ECA, memória, estimulação mental, envelhecimento.

¹Autor(es) ²Orientador(es)

Email (milakorb@gmail.com e fabiana.andrade@feevale.br)



INTERAÇÕES GENE X AMBIENTE: EVIDÊNCIAS DE EFEITO ADITIVO ENTRE O ALELO E*2 DO GENE APOE E O CONSUMO DE CAFÉ NA PROTEÇÃO PARA A DOENÇA DE PARKINSON

Juliana Foresti Caprara¹; Bruna Bellini¹; Jéssica Brasil Figueredo Meyer¹; Malisia Belestrin Lazzari¹; Fabiana Michelsen de Andrade²

A doença de Parkinson (DP) é uma das doenças neurodegenerativas mais comuns do mundo, causada por interações entre fatores genéticos e ambientais. Vários fatores de risco foram encontrados para a DP, e entre esses, o alelo E*4 do gene da apolipoproteína E (APOE) foi relacionado com aumento de risco por poucos autores. Por outro lado, há dados que mostram que os fatores de proteção possam existir, como o consumo de café, e a presença do alelo E*2 do mesmo gene. Substâncias presentes no café geradas a partir do metabolismo da cafeína parecem agir como antagonistas do receptor de adenosina A, trazendo um efeito neuroprotetor sobre a DP. No entanto, não é sabido como os fatores de risco genéticos interagem com a possível proteção do consumo do café. O objetivo deste trabalho é analisar se há interações entre o gene APOE e o consumo de café sobre a DP. Foram coletadas amostras de DNA de 113 pacientes previamente diagnosticados com DP e comparados com 139 controles. A análise do gene APOE foi feita através da técnica de PCR/RFLP (107 pacientes e todos os controles genotipados), e o consumo progressivo de café foi avaliado pelo uso de questionário retrospectivo, no qual os participantes responderam se haviam consumido café no passado, e escolheram alguma opção relacionada ao número de xícaras de café ingeridas por dia na maior parte da vida. Quando frequências genotípicas do gene APOE foram comparadas entre pacientes e controles, nenhuma diferença significativa foi detectada. Nunca ter consumido café foi mais frequente em pacientes do que em controles (26,7% vs 4,3%; $P=0,00004$). Nenhuma interação significativa entre a presença do alelo E*4 (a princípio o alelo de risco) e a ausência de consumo de café pôde ser detectada ($P=0,364$). No entanto, quando a influência protetora do alelo E*2 foi testada em conjunto com a presença de consumo de café, foi possível uma interação significativa: não possuir este alelo em conjunto com nunca ter consumido café foi muito mais frequente em pacientes (27,5% vs 4,1%; $P=0,000011$). Estes dados indicam que ser portador do alelo E*2, juntamente com o consumo de café podem agir como protetores para a DP, enquanto a presença do alelo E*4 parece não agir como fator de risco nem isoladamente nem em conjunto com a ausência de consumo de café. Contudo, o estudo continua em andamento, e o aumento do tamanho amostral poderá possibilitar a determinação de novos dados tanto sobre fatores de risco quanto sobre fatores protetores para a DP. (UNIVERSIDADE FEEVALE; CNPQ)

Palavras-chave: Doença de Parkinson. APOE. Café.

¹Autor(es) ²Orientador(es)

Email (julianacaprara@yahoo.com.br e fabiana.andrade@feevale.br)



INVESTIGAÇÃO DA ALTERAÇÃO DE MARCADORES BIOQUÍMICOS DE HEPATOTOXICIDADE INDUZIDA PELO USO DE QUIMIOTERÁPICOS UTILIZADOS NO TRATAMENTO DO CÂNCER DE MAMA

Lilian Corrêa da Silva¹; Rejane Giacomelli Tavares²

O câncer de mama é o tumor de maior incidência entre as mulheres em termos mundiais e o segundo quanto à mortalidade. A quimioterapia neoadjuvante, também chamada de quimioterapia pré-operatória, tornou-se amplamente aceita como tratamento padrão para o câncer de mama na tentativa de evitar a mastectomia. Considerando que o tratamento terapêutico causa efeitos adversos, entre eles destaca-se a hepatotoxicidade, o objetivo deste trabalho foi verificar possíveis alterações hepáticas em mulheres com neoplasia mamária, submetidas ao tratamento quimioterápico padrão. Desta forma, foram dosados e avaliados os níveis séricos das enzimas hepáticas ALT, AST e GGT, de 51 pacientes com diagnóstico de câncer de mama nos estágios pré-quimioterapia e pós-quimioterapia. Verificou-se que não houve diferença significativa na dosagem de nenhum dos parâmetros avaliados. Assim conclui-se que o tratamento quimioterápico não influencia o perfil hepático das pacientes participantes deste estudo. (UNIVERSIDADE FEEVALE; UFPEL)

Palavras-chave: Câncer de mama. Hepatotoxicidade. Quimioterapia.

¹Autor(es) ²Orientador(es)

Email (0100953@feevale.br e rejanetavares@feevale.br)



Métodos analíticos para controle do processo de produção de bioetanol a partir do lodo industrial de papel reciclado.

Diego Umberto Rizzana¹; Carin Von Muhlen²

A utilização de resíduo industrial para a produção de biocombustíveis é uma alternativa de sustentabilidade muito melhor do que a disposição desse material em aterros sanitários. A tecnologia de produção de bioetanol a partir de lodo de reciclagem de papel ainda está em fase de desenvolvimento em escala mundial, e carece de metodologias analíticas para controle do processo. A maioria das pesquisas na área se concentra nas taxas de produção de etanol e tecnologias de hidrólise e fermentação. O presente trabalho foi focado em métodos analíticos de custo relativamente baixo aplicados para avaliação da produção de etanol, incluindo a quantificação de celulose, glicose e etanol e também da avaliação das impurezas do etanol após a hidrólise. A quantificação do etanol foi realizada por extração por *headspace* e análise por cromatografia gasosa com detecção de ionização em chama (FID), usando o método desenvolvido nesse projeto. Os contaminantes orgânicos do etanol foram determinados por extração por *headspace* e análise por cromatografia gasosa acoplada à espectrometria de massas (qMS). A quantificação da celulose foi realizada por análise termogravimétrica e glicose por (qMS). (UNIVERSIDADE FEEVALE; FAPERGS)

Palavras-chave: Bio-etanol. Cromatografia. Celulose.

¹Autor(es) ²Orientador(es)

Email (diego138@msn.com e carin@feevale.br)



PADRONIZAÇÃO DA TÉCNICA DE PCR EM TEMPO REAL PARA DETECÇÃO DO GENE blaOXA-23 EM ISOLADOS CLÍNICOS DE *Acinetobacter baumannii*

Pâmela Rodrigues Garcia¹; Elias Hoffmann¹; Mayara Bernardes¹; Grazieli Camargo¹; Vlademir Vicente Cantarelli²

Introdução: As infecções causadas pela bactéria *Acinetobacter baumannii*, resistentes aos carbapenêmicos, vêm tomando importante proporção em surtos nosocomiais, principalmente em UTIs, sendo consideradas infecções de mau prognóstico devido às limitações terapêuticas. Este aumento tem sido atribuído a genes plasmidiais e na maioria dos casos, resultado da presença gene blaOXA-23, que confere esta resistência através da ação de enzimas tipo CHDL (carbapenem-hydrolysing classD beta-lactamase). A disseminação deste gene está relacionada a mais de 7 MLST (multilocussequencetypes) e diferentes estruturas genéticas, tornando difícil o seu controle. O diagnóstico das infecções é feito por cultura, identificação e teste de sensibilidade, levando em média 72 horas até a caracterização final da bactéria. A PCR em tempo real (qPCR) proporciona rapidez, sensibilidade e especificidade, sendo excelente opção diagnóstica. **Objetivo:** Padronizar a técnica de qPCR para detecção e confirmação da presença do gene bla OXA-23 em isolados clínicos positivos para *A. baumannii*. **Metodologia:** Este estudo possui caráter observacional, sendo que foram desenhados iniciadores (primers) específicos, utilizando como base a sequência do gene OXA-23 disponibilizado em bancos de dados(NCBI). O método aplicado é o qPCR em sistemas de capilares utilizando a plataforma LightCycler(Roche). As reações foram padronizadas com cepas controles para o gene alvo, previamente identificadas por metodologias tradicionais. **Resultados:** Os resultados parciais confirmam a especificidade dos iniciadores, que foram capazes de amplificar a sequência genética delimitada. Serão analisados isolados clínicos positivos para infecção por *A. baumannii* obtidos no Laboratório Qualitá. **Conclusões:** A prevalência do gene, o mau prognóstico relacionado a essas infecções e a possibilidade de terapêutica eficiente e medidas controle, em menor intervalo de tempo, demonstram a importância de técnicas rápidas, específicas e sensíveis, como qPCR. A padronização e implantação desta técnica, em serviços de saúde, podem representar excelente auxílio no controle de infecções hospitalares e eficácia terapêutica. (UNIVERSIDADE FEEVALE; LABORATÓRIO QUALITÁ; UNIVERSIDADE FEEVALE)

Palavras-chave: PCR em tempo real; *Acinetobacterbaumannii*; blaOXA-23.

¹Autor(es) ²Orientador(es)

Email (pan_rg@hotmail.com e vlademir@feevale.br)



Polimorfismo de deleção do gene **GSTM1** e sua relação com taxas de dano ao DNA em uma população do sul do Brasil

Leonardo Horbach¹; Luciano Basso da Silva¹; Luciano Basso da Silva²

Polimorfismos em genes que codificam enzimas capazes de metabolizar xenobióticos e convertê-los a formas hidrossolúveis podem estar associados com diferenças interindividuais nas taxas de danos no DNA. Neste contexto, o polimorfismo de deleção do gene **GSTM1** tem sido estudado quanto a sua relação com dano genético aumentado. O presente trabalho tem como objetivo investigar a frequência dos genótipos nulo e funcional do gene **GSTM1** bem como sua relação com taxas de dano no DNA em uma população do sul do Brasil. A amostra foi composta por 43 indivíduos, os quais foram genotipados através de PCR (reação em cadeia da polimerase) para o polimorfismo de deleção do gene **GSTM1**, utilizando-se primers para beta-globina como controle interno das reações de PCR. A taxa de dano no DNA foi estimada pela frequência de micronúcleos e outras anormalidades nucleares em células da mucosa oral. Os resultados obtidos até o momento demonstram que 41,9% dos indivíduos apresentam genótipo **GSTM1** nulo e 58,1% **GSTM1** funcional. Não foram observadas diferenças significativas entre os genótipos em relação às frequências de micronúcleos e de outras anormalidades nucleares em células da mucosa oral. Os resultados sugerem que o polimorfismo de deleção do gene **GSTM1** não está relacionado com taxas de dano ao DNA na amostra estudada. (UNIVERSIDADE FEEVALE; FEEVALE)

Palavras-chave: Polimorfismos genéticos; Danos no DNA; Genotoxicidade

¹Autor(es) ²Orientador(es)

Email (lhorbach@terra.com.br e lucianosilva@feevale.br)



Teste de micronúcleo em células da mucosa de trabalhadores expostos a poluentes atmosféricos e poeiras ocupacionais na avicultura

Suziane Raymundo¹; Aline Belem Machado¹; Sérgio Corbellini¹; Luciano Basso da Silva¹; Luciano Basso da Silva²

Na avicultura moderna, existe a preocupação em garantir que os galpões avícolas forneçam um ambiente saudável tanto para aves quanto para trabalhadores, pois nestas unidades criadoras pode ocorrer o acúmulo de contaminantes atmosféricos, prejudicando a saúde dos animais e trabalhadores. Alguns estudos demonstram que as atividades em galpões de confinamento de aves aumentam os riscos de doenças respiratórias nos trabalhadores. Até o momento poucos estudos investigaram danos no DNA neste grupo de trabalhadores. O objetivo do presente estudo é avaliar a taxa de danos no DNA de trabalhadores do sul do Brasil expostos a poluentes atmosféricos e poeiras ocupacionais na avicultura. Foram coletadas amostras de células da mucosa oral de um grupo de trabalhadores na avicultura e de um grupo de indivíduos sem exposição ocupacional a substâncias genotóxicas conhecidas (grupo controle). Para cada indivíduo foram preparadas lâminas citológicas coradas com Feulgen-fast green, nas quais foram analisadas 2.000 células para a observação de micronúcleos e outras anormalidades. Os resultados preliminares não apresentam diferenças significativas entre os trabalhadores da avicultura e o grupo controle, sugerindo que esta atividade ocupacional não apresenta risco genotóxico. (FEEVALE; FEEVALE)

Palavras-chave: Genotoxicidade, Exposição ocupacional, Avicultura.

¹Autor(es) ²Orientador(es)

Email (suzy_pink14@hotmail.com e lucianosilva@feevale.br)