



Evento	Salão UFRGS 2018: SIC - XXX SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2018
Local	Campus do Vale - UFRGS
Título	Diversidade bacteriana em fígado de ratos após hepatectomia de 90% tratados por terapia celular
Autor	MARINA HENTSCHE LOPES
Orientador	URSULA DA SILVEIRA MATTE

Diversidade bacteriana em fígado de ratos após hepatectomia de 90% tratados por terapia celular

Marina Hentschke Lopes^{1,2} e Ursula da Silveira Matte^{1,2}

¹ Centro de Terapia Gênica, Centro de Pesquisa Experimental, HCPA

² Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS)

A hepatectomia de 90% é um modelo de insuficiência hepática aguda (HP90%). Entre seus efeitos há um aumento da translocação bacteriana do intestino para o fígado, demonstrado por um aumento nos níveis hepáticos de lipopolissacarídeos. Para avaliar a diversidade bacteriana no fígado de animais hepatectomizados submetidos a tratamentos com terapia celular, cápsulas de alginato de sódio contendo medula óssea total (MOT), plaquetas (PLT) ou cápsulas vazias (CV) foram implantadas no peritônio de ratos submetidos à HP90%. Os animais foram eutanasiados após 1 e 3 horas. Os fígados foram coletados e armazenados a -80°C para extração do DNA bacteriano seguida de amplificação, utilizando primers direcionados à região V4 do gene codificador para 16S rRNA e sequenciamento realizado pelo aparelho Ion PGM (ThermoScientific). A análise destes dados seguiu o pipeline do 16S Brazilian Microbiome Project para Ion Torrent. Foi realizada análise multivariada permutacional (PERMANOVA) para se comparar os diferentes taxa entre os grupos. Este estudo foi aprovado pela Comissão de Ética no Uso de Animais em Pesquisa do HCPA, sob número 14-0560. As análises globais de diversidade (alfa e beta diversidades) não indicam uma variação quali-quantitativa entre os grupos. Os filos mais representados foram Proteobacteria, seguido de Firmicutes e Bacteroidetes, sendo que Firmicutes e Proteobacteria apresentaram correlação negativa ($R \cong -1$) considerando-se todos os tratamentos. A PERMANOVA sugere que os centróides dos grupos não variam significativamente nos níveis de Filo, Ordem, Família e Gênero, indicando pouca ou nenhuma variação entre os tratamentos nestes níveis taxonômicos. Já no nível de Classe, a PERMANOVA indica variação entre os centróides (diferença entre os grupos) ($P = 0.0239$, $R^2 = 0.30281$, Pseudo-F = 1.8614). O teste de homogeneidade multivariado da dispersão das amostras baseado em permutação sugere que há variação na dispersão amostral entre os grupos MOT_1H e os grupos CV_1H, PLT_1H, PLT_3H no nível de Ordem ($P < 0.03$; $F = 3.6137$, 999 permutações); MOT_1H e os grupos CV_1H, PLT_1H, PLT_3H e MOT_3H no nível de Família ($P < 0.03$; $F = 3.3815$, 999 permutações); MOT_1H e os grupos CV_1H, PLT_1H, e MOT_3H no nível de Gênero ($P \leq 0.035$; $F = 4.2585$, 999 permutações) em todos os níveis taxonômicos, exceto Filo. Portanto, existe variação significativa na dispersão entre os diferentes tratamentos, principalmente no grupo PLT 1H e os centróides estão aproximados, indicando que variações entre os táxons pontuais podem existir. Para futuros estudos, as análises nesses níveis deverão ser aprofundadas para se determinar mais especificamente quais os táxons que variam entre os diferentes grupos, assim como determinar as vias metabólicas bacterianas mais enriquecidas em cada tratamento.