

resultantes de interações com diferentes grupos de pesquisa do HCPA. Restrições impostas pela pandemia da Covid-19 evidenciaram ainda mais a importância da bioinformática para a produção científica. O NBioinfo também objetiva contribuir com a formação de recursos humanos nestas áreas de pesquisa, promovendo cursos de capacitação e eventos científicos. Em 2020, foi organizado o evento online Bioin4Girls - Ciclo de Palestras em Bioinformática, visando valorizar a atuação feminina na área com uma programação 100% organizada e ministrada por mulheres. Sem dúvida, a bioinformática representa uma área de pesquisa estratégica para fomentar o avanço científico. Através de sua atuação, o NBioinfo visa prover o HCPA com competências na área, estimular sua inserção em projetos de pesquisa da instituição, oportunizar novas colaborações, e catalisar a produção científica de impacto.

1717

SIMILARIDADE GENÉTICA DE ISOLADOS DE ESCHERICHIA COLI DE PRODUÇÃO SUÍNA POR CHTYPER

CATEGORIA DO TRABALHO: PESQUISA

Gabriela Simões de Oliveira, Silvia Adriana Mayer Lentz, Priscila Lamb Wink, Andreza Francisco Martins
UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL

Devido ao crescente número de microrganismos resistentes a múltiplas drogas, a resistência antimicrobiana é uma ameaça a saúde pública e global. O uso indiscriminado de antimicrobianos durante a criação de animais para consumo, como na suinocultura, favorece este processo. Assim, o presente estudo se propõe a avaliar a disseminação de clones de *E. coli* mcr-1 positivos na cadeia da suinocultura através da técnica CHTyper. Foram utilizados quarenta e dois isolados de *E. coli* mcr-1 positivos de granjas localizadas no estado do Rio Grande do Sul - RS, sendo vinte e três suabes retais dos suínos e dezoito do ambiente produtivo. Foi realizada a reação em cadeia da polimerase (PCR) para os dois genes propostos pela técnica, o *fumC* e o *fimH*. Os produtos da PCR foram purificados para realização do sequenciamento Sanger através da plataforma AB 3500. As sequências foram avaliadas no Geneious Prime 2021.1.1 e submetidas ao banco de dados CHTyper (<https://cge.cbs.dtu.dk/services/chtyper/>). Sete amostras foram selecionadas para validação da técnica. A extração de DNA dessas amostras foi feita com o Wizard® Genomic DNA Purification Kit (Promega). O sequenciamento completo do genoma foi realizado através da plataforma de sequenciamento de nova geração (NGS) Illumina MiSeq V2 (2x 250, paired-end) e as bibliotecas genômicas a partir do Nextera XT DNA Sample Preparation Kit (Illumina). A qualidade do sequenciamento foi verificada *in silico* por FastQC. Os dados brutos foram montados usando SPAdes v3.9.0 e os contigs foram anotados com Prokka (PROKKA, Galaxy Version 1.13). As sequências também foram submetidas no banco de dados do CHTyper. Foram encontrados dezoito CHs diferentes, sendo cinco mais prevalentes. Em três lotes foi estabelecido o mesmo clone entre animais e o ambiente, ressaltando que há disseminação clonal de cepas que abrigam o gene *mcr-1* na cadeia da suinocultura, além da disseminação horizontal mediada por elementos móveis. A validação do CHTyper apresentou concordância dos resultados, evidenciando um elevado poder discriminatório e uma excelente técnica alternativa ao MLST (Multilocus Sequence Typing), sendo mais rápida e mais barata. O gene *mcr-1* confere resistência as polimixinas, utilizadas como última opção terapêutica na medicina humana, portanto é necessário rastrear e definir estratégias para reduzir esta disseminação, principalmente através da abordagem One Health, que busca elucidar questões que envolvem a saúde humana, animal e do ambiente.

1926

IDENTIFICAÇÃO DE GENES HUB NOS DIFERENTES TIPOS DE PARKINSONISMO ATÍPICO E SUAS INTERAÇÕES UTILIZANDO UMA ABORDAGEM DE BIOLOGIA DE SISTEMAS

CATEGORIA DO TRABALHO: PESQUISA

Amanda Pasqualotto, Felipe Mateus Pellenz, Vinícius da Silva, Ida Vanessa Doederlein Schwartz, Marina Siebert

HOSPITAL DE CLÍNICAS DE PORTO ALEGRE

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL

Introdução: Parkinsonismo atípico (PA) é um conjunto de doenças que se apresentam com manifestações clínicas de uma síndrome parkinsoniana associada a outros sinais e sintomas distintos da doença de Parkinson. O PA é constituído por 4 doenças: paralisia supranuclear

progressiva (PSP), atrofia de múltiplos sistemas (AMS), degeneração corticobasal (DCB) e demência por corpúsculos de Lewy (DCL). Um diagnóstico acurado das formas de PA é complicado devido a variabilidade fenotípica e sobreposição de sintomas entre os subtipos de PA. O conhecimento de fatores genéticos e de mecanismos moleculares envolvidos no PA tem possibilitado ampliar o entendimento dessas doenças. Sendo o PA uma doença rara e complexa, o uso de ferramentas de biologia de sistemas contribuirá na caracterização de genes hub (genes que possuem maiores interações em uma via), juntamente com a identificação de suas vias metabólicas para maior entendimento das bases desta doença. Objetivo: Caracterizar quais são os genes hub de cada tipo de PA, genes hub em comum entre os diferentes tipos e vias metabólicas associadas ao PA. Método: Uma busca sistemática dos genes associados a cada tipo de PA foi realizada no site DisGeNET utilizando os seguintes termos de busca: multiple system atrophy, corticobasal degeneration, Lewy body disease e progressive supranuclear palsy. As ferramentas STRING 11.0 e Cytoscape 3.8.2 foram usadas para análise de redes de interação proteína-proteína formada pelos genes. A identificação dos genes hub e a análise de interação entre estes genes foram realizadas utilizando as ferramentas CytoHubba e o site InteractiVenn.net, respectivamente. A análise de enriquecimento funcional buscou identificar as vias KEGG usando o site PathDIP. Resultados: A busca sistemática no banco de dados DisGeNET permitiu identificar 19 genes envolvidos com AMS, 35 com DCB, 255 com DCL e 176 com PSP. Dentre estes genes, 41 foram identificados como hub. Utilizando a ferramenta InteractiVenn foi possível detectar que 3 genes hub (MAPT, APOE e SNCA) eram comuns entre os 4 tipos de PA. Após a análise de enriquecimento funcional, pode-se observar o envolvimento destes 3 genes hub em vias relacionadas com parkinsonismo, Alzheimer e metabolismo do colesterol. Conclusão: Utilizando uma abordagem de biologia de sistemas, foi possível identificar 3 genes hub envolvidos com os 4 tipos de PA, sendo que estes genes apresentam funções em vias envolvidas com parkinsonismo, Alzheimer e metabolismo de colesterol.

1951

USO DE BIOLOGIA DE SISTEMAS PARA ANÁLISE DE GENES E VIAS METABÓLICAS RELACIONADAS À DOENÇA DE CROHN E COLITE ULCERATIVA

CATEGORIA DO TRABALHO: PESQUISA

Vinícius da Silva, Felipe Mateus Pellenz, Amanda Pasqualotto, Marina Siebert
HOSPITAL DE CLÍNICAS DE PORTO ALEGRE
UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL

Introdução: As doenças inflamatórias intestinais (DII) são caracterizadas pela presença de inflamação crônica, progressiva e recorrente. A etiopatogenia das DII é multifatorial e as causas envolvidas ainda não estão completamente compreendidas. A doença de Crohn (DC) e a colite ulcerativa (CU) são as formas de DII mais comuns. Ampliar o estudo de genes e vias metabólicas envolvidas na DC e na CU se faz necessário, uma vez que a literatura é escassa. Objetivo: Identificar os genes hubs e as vias metabólicas relacionadas à DC e CU através de ferramentas de biologia de sistemas. Métodos: A busca de genes relacionados à DC e CU foi realizada no banco de dados DisGeNET 7.0 utilizando as palavras chaves “Crohns disease” e “ulcerative colitis”, respectivamente. As redes de interação proteína-proteína foram formadas utilizando as ferramentas STRING 11.0. Genes hubs, bottlenecks e hub-bottlenecks (genes com alto número de interações em vias) foram definidos através do plugin CytoHubba 0.1 para Cytoscape. Novas redes de interações gênicas foram construídas apenas com os genes hub-bottlenecks e subseqüentes análises de clusters, utilizando MCODE 2.0. Análise de enriquecimento funcional foi realizada utilizando o PathDIP. A visualização dos dados foi realizada utilizando Cytoscape 3.8.2. Resultados: Foram identificados 1382 genes relacionados à DC (77 hub-bottlenecks) e 1458 relacionados a CU (69 hub-bottlenecks). A análise de enriquecimento funcional por vias KEEG resultou em 162 vias metabólicas relacionadas à DC e 157 à CU. Para ambas as doenças, algumas das vias com mais genes envolvidos foram vias relacionadas a cânceres (>40) e a complicações diabéticas vinculadas à via AGE-RAGE (>20). Esses achados estão de acordo com o esperado, uma vez que portadores de DII possuem risco aumentado de desenvolver diversos tipos de cânceres, tal como o câncer colorretal, e comumente apresentam polimorfismos e níveis aumentados de RAG E. Conclusão: Através da biologia de sistemas, uma grande quantidade de genes e vias metabólicas foram identificados estando relacionados à DC e CU, o que reafirma a complexidade dessas doenças devido ao seu caráter multifatorial. O estudo mais detalhado das redes de interações de proteínas possibilitará a ampliação do entendimento das bases moleculares dessas DII e, possivelmente, poderá