

Análise Computacional da expressão Gênica em modelo *in vitro* de Cromoblastomicose

INTRODUÇÃO

A cromoblastomicose (CBM) é uma micose crônica e de difícil tratamento, causada principalmente por *Fonsecaea pedrosoi*, sendo considerada uma doença negligenciada em regiões tropicais e subtropicais, incluindo o Brasil. A forma muriforme, também chamada de corpo esclerótico, representa o principal estágio patogênico, caracterizado por alta melanização, parede celular espessa e resistência tanto à resposta imune do hospedeiro quanto a antifúngicos convencionais.

MÉTODOS

As amostras biológicas foram obtidas pelo projeto “Enfrentando a Cromoblastomicose”, contendo conídios e células muriformes de *F. pedrosoi*. Após extração de RNA mensageiro, as bibliotecas foram sequenciadas na plataforma Illumina (paired-end 2x150), resultando em arquivos brutos no formato FASTQ.

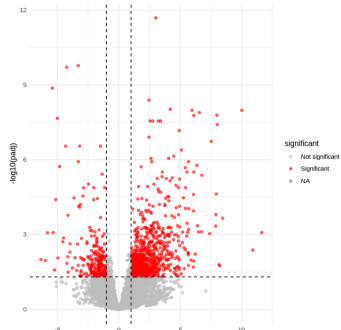
O controle de qualidade foi realizado com FastQC e MultiQC, seguido de remoção de adaptadores com Trim Galore. Para a análise dos dados, utilizou-se o pipeline nf-core/rnaseq (versão 3.20.0), em ambiente isolado via Mamba e execução em contêineres Docker, assegurando reprodutibilidade.

O pipeline incluiu: Controle de qualidade das leituras; Mapeamento contra o genoma de referência de *F. pedrosoi*; Quantificação de transcritos com Salmon; Análise estatística de expressão diferencial.

RESULTADOS

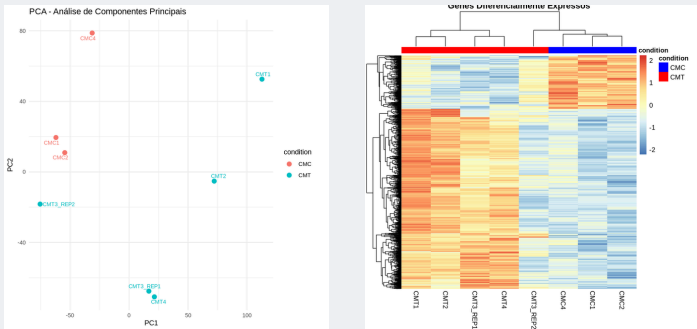
Após a análise dos arquivos FASTQ indicou alta qualidade das sequências, com predominância de escores Q30 ou superiores, garantindo confiabilidade nos dados de RNA-seq. O trimming brando aplicado nas extremidades 3' melhorou a qualidade global sem comprometer a integridade das leituras.

A execução do pipeline nf-core/rnaseq (versão 3.20.0) gerou matrizes de contagem de transcritos e permitiu a realização da análise diferencial. A PCA revelou agrupamentos distintos entre micélio (CMC) e células muriformes (CMT), confirmando consistência entre réplicas biológicas e a forte influência do estado morfológico no perfil transcricional



O Volcano Plot demonstrou um número expressivo de genes diferencialmente regulados, tanto upregulated em CMT (associados a resistência ao estresse, remodelamento da parede celular e virulência), quanto downregulated em relação ao micélio (relacionados a crescimento vegetativo e funções metabólicas). O Heatmap reforçou esses achados, evidenciando padrões de coexpressão específicos e a clara separação entre as condições biológicas.

Esses resultados indicam que a transição morfológica de micélio para célula muriforme em *Fonsecaea pedrosoi* envolve uma reprogramação transcricional profunda, com ativação de vias adaptativas ligadas à sobrevivência em ambientes hostis e à persistência no hospedeiro.



CONCLUSÃO

A aplicação de pipelines computacionais reprodutíveis para RNA-seq permitiu identificar mudanças robustas e consistentes na expressão gênica de *F. pedrosoi*. A análise revelou que a diferenciação celular para a forma muriforme está associada à ativação de genes ligados a resistência, virulência e adaptação metabólica, enquanto o micélio expressa predominantemente genes relacionados ao crescimento vegetativo. Esses achados confirmam que a morfogênese muriforme não representa apenas uma alteração estrutural, mas uma reorganização funcional complexa do transcriptoma, que pode estar diretamente ligada à patogenicidade e persistência da cromoblastomicose. Além de fornecer novos insights sobre os mecanismos moleculares da doença, o trabalho estabelece uma base sólida para futuras validações experimentais e identificação de potenciais alvos terapêuticos.





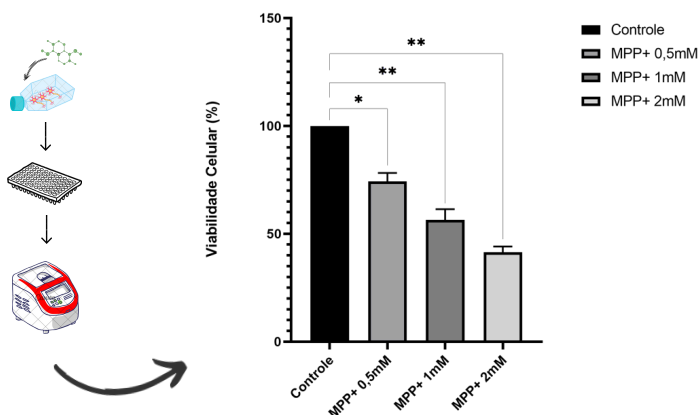
EXPRESSÃO DE MIRNAS EM NEURONIOS EXPOSTOS A MPP+

INTRODUÇÃO

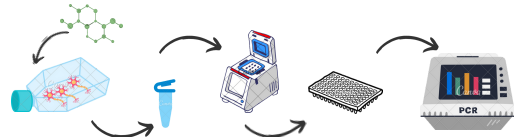
A acumulação de α -sinucleína e a regulação genética insuficiente desempenham um papel fundamental na progressão da Doença de Parkinson (DP). Os microRNAs (miRNAs), incluindo o miR-7 e miR-671 mostram evidências de regulação da expressão da α -sinucleína e estão ligados a várias doenças neurodegenerativas. buscamos avaliar a expressão do miRNAs em um modelo in vitro de DP.

METODOS

Células da linhagem SH-SY5Y foram cultivadas em meio D-men F12, suplementadas e expostas a diferentes concentrações de MPP+ para simular condições de estresse observadas na DP. A viabilidade celular foi avaliada através do ensaio MTT.

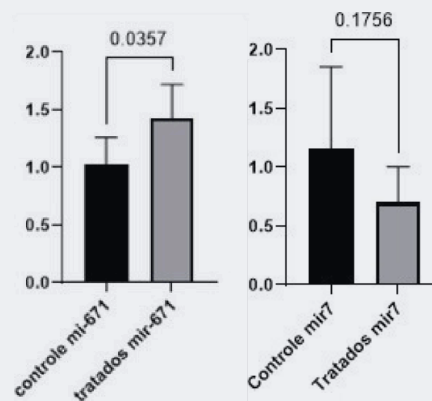


Para a análise da expressão do miR-7, a extração de RNA foi realizada. Seguida pela avaliação da pureza e quantificação utilizando o espectrofotômetro. A síntese de cDNA e a qPCR foram realizadas utilizando os kits TaqMan. Os dados foram $\Delta\Delta Ct$, normalizando com miRNAs analisados pelo método endógenos.



RESULTADOS

Após a exposição de MPP+ as células SH-SY5Y os resultados mostraram que a expressão de miR-671 foi estatisticamente significativa ($p = 0,0357$) e miR-7 não sendo estatisticamente significativa ($p = 0,1756$)



CONCLUSÃO

Este estudo destaca a relevância das células SH-SY5Y como modelo in vitro para investigações relacionadas à DP. A análise da expressão dos miRNAs indica fornecer insights cruciais sobre seu papel na regulação da α -sinucleína e, consequentemente, na patogênese da DP. A compreensão aprofundada desses mecanismos

