



# VII SIMPÓSIO DE BIOTECNOLOGIA

## INTEGRAÇÃO ENTRE GRADUAÇÃO E PÓS-GRADUAÇÃO

### III MOSTRA ACADÊMICA



## MICRORNAs EXPRESSOS NA DIFERENCIAÇÃO NEURONAL E AS SUAS VIAS DE SINALIZAÇÃO ASSOCIADAS: UMA REVISÃO SISTEMÁTICA COM ANÁLISE DE BIOINFORMÁTICA.

SOUZA, KAROLINE BRIZOLA<sup>1\*</sup>; SILVEIRA, ROBERTA GIORGI<sup>1</sup>; FERRÚA, CAMILA PERELLÓ<sup>1</sup>; AMARAL, CAINÁ CORRÊA<sup>1</sup>; GARCIA, TIAGO FERNANDEZ<sup>1</sup>; NEDEL, FERNANDA<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Grupo de Pesquisa em Células Tronco (GPCell); Laboratório de Neurociências Clínicas –  
Universidade Católica de Pelotas

<sup>1\*</sup> kf\_ina@hotmail.com

Área de submissão: Multidisciplinar

### RESUMO

**Introdução:** Os microRNAs (miRNAs) desempenham um papel importante no cérebro humano desde o período embrionário até a idade adulta. Nesse sentido, eles influenciam o desenvolvimento de células-tronco neurais (*neuronal stem cells* - NSCs), regulando a diferenciação celular e a sobrevivência. Devido à importância de melhor compreender a regulação dos miRNAs na diferenciação das NSCs e à carência de estudos que mostrem o panorama dos miRNAs e suas vias de sinalização estudadas até o momento, o objetivo deste estudo foi revisar sistematicamente a literatura para identificar quais miRNAs, e seus padrões diferenciais de expressão gênica, estão associados com a diferenciação neuronal e, utilizando a análise de bioinformática, identificar as suas possíveis vias de sinalização. **Metodologia:** Foi realizada uma busca nas seguintes bases de dados: Scientific Electronic Library Online (Scielo), National Library of Medicine National Institutes of Health (PubMed), Scopus, Web of Science e Science Direct, utilizando os descritores “(microRNA [MeSH])” e “(neurogênese [MeSH])”. Dos artigos encontrados, dois revisores independentes e previamente calibrados, utilizando o EndNote X7 (Thomson Reuters, Nova York, NY, EUA), selecionaram os concernentes a miRNA no desenvolvimento de NSCs, com base em estudos *in vitro*. Após, a análise de bioinformática foi realizada utilizando o software DIANA Tools, mirPath v.3. Os dados foram tabelados, analisados e interpretados. **Resultados:** Entre os 106 miRNAs citados pelos estudos incluídos, 55 possuíam altos níveis de expressão e 47 baixo níveis de expressão em relação aos controles. A análise de bioinformática revelou que, entre os miRNAs com altos níveis de expressão, houveram 24 vias totais e 6 vias de união, sendo que 3 apresentaram diferença estatisticamente significativa ( $p \leq 0,05$ ). Entre os miRNAs com baixos níveis de expressão, foram encontradas 46 vias totais e 13 vias de união, com 7 apresentando uma diferença significativa ( $p \leq 0,05$ ). Os miR-125a-5p, miR-423-5p e miR-320 foram os miRNAs mais encontrados nas vias determinadas pela bioinformática. **Conclusão:** Mediante os resultados deste estudo foi criado um painel de miRNAs alterados na diferenciação neuronal com suas respectivas vias de sinalização, o que pode ser um passo para a compreensão da complexa rede de miRNAs na diferenciação neuronal.

**PALAVRAS-CHAVE:** Células-tronco neuronais; Neurogênese; Regulação; Vias de sinalização;