



**CNPEM**  
**PIBIC**  
PROGRAMA INSTITUCIONAL  
DE BOLSAS DE INICIAÇÃO  
CIENTÍFICA

## Livro de Resumos



**CNPEM**



## **Congresso Interno de Iniciação Científica do programa PIBIC no CNPEM**

Realizamos no dia 15 de agosto de 2014 o 12º Congresso Interno do Programa Institucional de Bolsas de Iniciação Científica (PIBIC) do Centro Nacional de Pesquisa em Energia e Materiais (CNPEM) com enorme satisfação. Entre agosto de 2013 e julho de 2014, 24 alunos participaram dessa iniciativa do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq). Esses estudantes, provenientes de cursos de Física, Química, Biologia e Engenharias de várias universidades de Campinas e região, desenvolveram trabalhos em diferentes áreas da ciência e tecnologia, incluindo física de aceleradores, materiais nano-estruturados, estrutura e função de proteínas e bioprocessos na geração de biocombustíveis. Os detalhes desses projetos estão reunidos nesse livro de resumos.

Agradecemos ao CNPq pelas bolsas concedidas ao nosso Programa e a todos do CNPEM que de alguma forma contribuíram para a realização deste evento. Gostaríamos de agradecer especialmente aos membros dos Comitês de Avaliação Internos e Externos pelos trabalhos prestados e aos alunos e orientadores que, com muita dedicação e empenho, desenvolveram seus projetos com extremo rigor científico.

Atenciosamente,

Coordenação do Programa PIBIC para o CNPEM



## O Programa PIBIC no CNPEM

O Centro Nacional de Pesquisa em Energia e Materiais (CNPEM) coordena e viabiliza, através de seus Laboratórios Nacionais, o Programa Institucional de Bolsas de Iniciação Científica (PIBIC), financiado pelo Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

O PIBIC tem como principal objetivo estimular a formação científica de estudantes de graduação e representa o primeiro passo na trajetória profissional de jovens que pretendem atuar em pesquisas nas áreas de ciência e tecnologia. Essa oportunidade de contato direto com as atividades científicas enriquece o currículo e beneficia o futuro profissional dos estudantes. A iniciação científica de excelência disponibiliza ao aluno a base necessária para a construção e a consolidação de uma sólida carreira profissional. Nesse sentido, o PIBIC é um valioso mecanismo de incentivo aos jovens talentos.

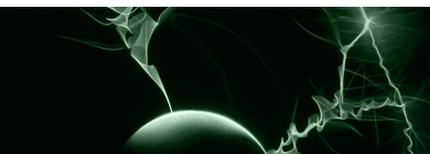
O PIBIC no CNPEM promove a participação ativa dos alunos em projetos de pesquisa com mérito científico e potencial para serem continuados na pós-graduação. Os Laboratórios Nacionais do CNPEM oferecem ainda um ambiente de pesquisa com infraestrutura e instrumentação científica de excelente qualidade.

Esse cenário favorece o sucesso do Programa. A maioria de nossos ex-alunos de iniciação científica estão cursando a pós-graduação, muitos deles continuam trabalhando nos laboratórios do CNPEM enquanto outros estão atuando no setor privado. Dessa forma, reconhecemos a importância do Programa e acreditamos que o PIBIC/CNPEM atinge seu principal objetivo de contribuir significativamente para a formação de nossos alunos.

Atenciosamente,

Celso Benedetti

Coordenador do PIBIC para o CNPEM





# Resumos apresentados no 12º Congresso Interno de Iniciação Científica do Centro Nacional de Pesquisa em Energia e Materiais (CNPEM)

## Programa Institucional de Bolsas de Iniciação Científica (PIBIC) do CNPq

Campinas, 15 de Agosto de 2014



## **Avaliação da hiperexpressão de MEF2C na desdiferenciação de miotubos**

Bolsista: Érico Luiz Moreto Lins

Universidade: METROCAMP

Orientador: Prof. Dr. Kleber Gomes Franchini

### **Resumo**

Os fatores de transcrição MEF2 (Myocyte Enhancer Factor 2) pertencem à família MADS Box (MCM1-Agamous-Deficiens-Serum response factor) e foram descritos pela primeira vez como fatores de transcrição que se ligam a sequências de DNA ricas em A/T nos promotores de vários genes músculo específicos. Existem 4 genes da família MEF2 que foram identificados em vertebrados: MEF2A, B, C e D. Esses fatores de transcrição estão envolvidos na diferenciação miogênica e na manutenção da integridade estrutural do músculo esquelético adulto, principalmente através da indução da expressão de diversos genes sarcoméricos como a cadeia pesada da miosina IIb e miomesina. Apesar do papel estabelecido de MEF2C durante a diferenciação miogênica, a função desta proteína em miotubos diferenciados é pouco conhecida. Estudos anteriores conduzidos em nosso laboratório mostraram que a hiperexpressão da MEF2C em miócitos cardíacos de ratos neonatos resulta na perda de proteínas sarcoméricas e no aumento de expressão de proteínas relacionadas ao ciclo celular, características coerentes com o quadro de desdiferenciação celular. Desdiferenciação é a capacidade de uma célula diferenciada adquirir características de um estágio menos especializado de sua própria linhagem celular. Na desdiferenciação de C2C12, é observado clivagem dos múltiplos núcleos dos miotubos em células mononucleadas, redução da expressão de genes sarcoméricos e aumento de expressão de genes relacionados ao ciclo celular. O objetivo deste projeto foi investigar o efeito da hiperexpressão de MEF2C na desdiferenciação de miotubos C2C12. Foi observado que a hiperexpressão de MEF2C em miotubos resulta em aumento de expressão de genes de ciclo celular em níveis semelhantes ao de mioblastos em fase de proliferação, compatível com o quadro de desdiferenciação. Entretanto, a hiperexpressão de MEF2C em miotubos não resultou em diferença de expressão de genes sarcoméricos estruturais, ou mudanças fenotípicas aparentes em relação aos miotubos controle.



## **Algoritmos rápidos para reconstrução 2D**

Bolsista: André Seiki Kameyama

Universidade: Universidade Estadual de Campinas

Orientador: Dr. Eduardo Xavier Miqueles

### **Resumo**

Neste relatório apresentamos um estudo parcial sobre Tomografia Computadorizada (TC) que é um método não invasivo para analisar estruturas internas e reconstruir modelos 3D. Este conceito é conduzido ao problema matemático de reconstrução de imagens via projeções, que por sua vez é a essência de um problema inverso em tomografia, tendo como solução a transformada inversa de Radon. Na primeira parte deste trabalho será demonstrado com detalhes a ação da transformada de Radon em diversos modelos obtendo assim seus respectivos sinogramas, para que, na segunda parte, sejam demonstradas três diferentes implementações do operador adjunto da transformada de Radon que teoricamente devem levar o sinograma de volta à amostra original. Foram implementados algoritmos computacionais para cada uma das etapas, todos na linguagem C de programação. Os códigos dos programas não estão contidos neste relatório por motivos de espaço, mas serão apresentados seus *pseudo-códigos*. A eficiência dos algoritmos é confirmada pelos resultados contidos neste trabalho, os quais se mostram satisfatórios para uma primeira aproximação embora existam muitos detalhes a serem explorados mais de perto.



## **Expressão da proteína cinase humanas Nek5 para estudos estruturais e funcionais**

Bolsista: Bianca Gomes Pereira

Universidade: Pontifícia Universidade Católica de Campinas

Orientador: Dr. Jörg Kobarg

Co-orientadora: Dra Talita Diniz Melo Hanchuk

### **Resumo**

A relação entre o desenvolvimento e a progressão do processo tumoral com o ciclo celular é algo que intriga pesquisadores e motiva inúmeras pesquisas. Detalhar a ligação que ocorre entre esses dois eventos e, mais que isso, identificar as proteínas que integram essa interação é um grande desafio das pesquisas biomoleculares. As proteínas cinases estão relacionadas com o ciclo celular, sendo assim sua relação com o câncer é o maior alvo de estudos, sabendo que essas proteínas são positivas para a progressão do processo tumoral, pesquisas sobre o meio por onde atuam e com que proteínas mais elas possam interagir caracterizam o avanço das descobertas sobre o câncer. As Neks fazem parte do grupo das cinases e são proteínas que possuem ação importante no ciclo celular e na progressão do tumor. A caracterização dessas proteínas é importante para desmistificar diversos meios pelo qual o câncer se desenvolve e progride. A Nek5 é uma proteína integrante da família das cinases, pouco se sabe sobre sua estrutura e função, mas pesquisas recentes mostraram sua interação com caspase-3 na miogênese. Este trabalho busca caracterizar estrutura e interação de hNek5 com outras proteínas.



## **Brasagem de Diamante CVD para janelas de raios-X usadas em instrumentação de luz síncrotron**

Bolsista: Carla Fernanda Batista

Universidade: Universidade Federal de São Carlos (UFSCar)

Orientador: Dr. Osmar Roberto Bagnato

### **Resumo**

A brasagem é utilizada desde a pré-história pela humanidade, como o intuído de junção de materiais, seja com as mesmas propriedades ou propriedades diferentes. A partir disso, a técnica de brasagem é utilizada muito hoje em dia. Uma das aplicações de brasagem é a janelas de berílio (Be), que são utilizadas como padrão na linha de luz nas fontes de luz síncrotron ao redor do mundo. O Be tem a vantagem de possuir baixo número atômico e uma boa transmissão óptica, mas tem a desvantagem de ter um alto teor de toxicidade. Sendo assim, uma maior atenção e muitos estudos vêm sendo dedicados ao desenvolvimento do diamante CVD (do inglês, Chemical Vapor Deposition) para a fabricação das janelas, esta em substituição ao Be. Ambas as funções das janelas do Be serão combinadas em uma única janela de diamante para uso em linha de luz, onde o diamante CVD tem excelentes propriedades térmica e mecânica (BAGNATO; FRANCISCO et al, 2012). Essas janelas de diamantes CVD são construídas através do processo de brasagem, onde um dos desafios consiste em adequar as diferenças de coeficiente de expansão térmica entre o filme de diamante e outros metais, e a compatibilidade química. O diamante não apresenta problemas de toxicidade, ele apresenta valores excepcionais de dureza, alta condutividade térmica e inércia química, além de ser transparente no comprimento de onda de raio-X, o que faz dele um material de extremo interesse para a aplicação na linha de luz (LLOPIS, 2012, p. 2).



## **Estudo estrutural de enzimas chaves na biossíntese de antibióticos aminoglicosídeos gentamicina e sisomicina**

Bolsista: Priscila Dos Santos Bury

Universidade: Pontifícia Universidade Católica de Campinas

Orientador: Dr. Marcio Vinicius Bertacine Dias

### **Resumo**

Os aminoglicosídeos são antibióticos de estrutura química composta por aminoácidos unidos por ligações glicosídicas a um álcool cíclico hexagonal com grupos amino. A gentamicina e sisomicina são aminoglicosídeos que possuem estrutura química semelhantes, sendo que este último apresenta uma ligação etileno não presente na gentamicina. Infelizmente, uma característica destes antibióticos é que eles exibem uma elevada toxicidade para o aparelho auditivo e efeitos nefrotóxicos reversíveis. No entanto, devido ao aumento de casos de resistência bacteriana aos principais antibióticos, os aminoglicosídeos ainda são considerados úteis clinicamente. Os aminoglicosídeos são sintetizados principalmente por bactérias do gênero *Streptomyces* e apresentam rotas biossintéticas complexas, com diversas enzimas participantes, que podem ser interessantes do ponto de vista de biologia sintética e biotecnológico. Assim, a manipulação de suas vias biossintéticas pode gerar uma maior diversidade de compostos que exibem ação antimicrobiana, com efeitos colaterais reduzidos. Entretanto, para alcançar este objetivo, é necessário primeiro decifrar os mecanismos moleculares destas enzimas através da resolução de suas estruturas tridimensionais. Assim, os objetivos deste projeto foram: expressar, purificar e cristalizar proteínas envolvidas na biossíntese dos antibióticos sisomicina e gentamicina, a fim de determinar as suas estruturas através de cristalografia. Desta forma, diversos genes para as da biossíntese de gentamicina e sisomicina foram clonados em vetores de expressão a partir do sistema pET e expressas em células bacterianas. As proteínas expressas foram purificadas de acordo com um protocolo de dois passos envolvendo uma Cromatografia de Afinidade de Metal Imobilizado (IMAC) seguida por uma cromatografia por exclusão de tamanho (SEC). Em seguida, os *screenings* de cristalização foram realizados, utilizando a plataforma automatizada cristalização do LNBio e os cristais obtidos foram expostos a um feixe de raios X a partir de uma fonte de radiação Síncrotron para obtenção de dados de difração de raios X. Finalmente, os dados obtidos foram processados, escalonados e analisados utilizando os programas XDS, Mosflm e os outros programas do pacote CCP4.



## **Estudo da expressão de genes de *Aspergillus niger* relacionados à degradação de biomassa vegetal**

Bolsista: Eliane Silva de Santana

Universidade: Universidade Estadual de Campinas

Orientador: Dra. Juliana Velasco de Castro Oliveira

### **Resumo**

A dependência de fontes de combustíveis fósseis bem como a preocupação com o meio ambiente tem gerado mundialmente um grande interesse no desenvolvimento de outras fontes de energia. Neste sentido, o etanol de segunda geração (ou etanol lignocelulósico) é vantajoso por se tratar de uma fonte inesgotável de energia, além de ser considerada de baixo impacto ambiental. Para a quebra da biomassa e produção deste etanol, são necessárias enzimas hidrolíticas e outras proteínas acessórias produzidas, entre outros, por fungos como o *Aspergillus niger* e *Trichoderma reesei*. Neste trabalho, utilizamos dados de RNA-seq dos fungos *Trichoderma reesei* cepa RUT C30 e *Aspergillus niger* N402 crescidos em colmo e bagaço de cana de açúcar para selecionar genes diferentemente expressos, e que podem estar associados à desconstrução da biomassa vegetal. Os genes selecionados foram analisados por PCR em tempo real, em duas cepas distintas de cada fungo. Para *Trichoderma reesei* os genes foram analisados na cepa RUT C30, que possui o gene *cre1* truncado e em uma cepa onde foi colocado o *cre1* íntegro (*full*). Em *Aspergillus niger* utilizamos a cepa selvagem, que possui o *creA* íntegro e a cepa  $\Delta xlnR$ . Com as análises realizadas por este trabalho, podemos concluir que a maioria dos genes analisados são mais expressos em colmo e bagaço, e que muitos deles apresentam já uma hiper-expressão em relação a condição frutose logo nos tempos mais precoces de crescimento, o que sugere que estes fungos são capazes de se adaptar rapidamente as mudanças das condições de crescimento. Além disso, pode-se observar que em *T. reesei* RUT C30, *cre1* é responsável pela repressão de genes como *lae1* e *hidrofobina*. Em *A. niger*, duas proteínas com funções desconhecidas analisadas são grandes candidatas para os próximos estudos, pois são hiper expressas em bagaço e colmo e são reguladas por *XlnR*. Estas proteínas podem ter uma importante função na degradação da biomassa e podem contribuir com o desenvolvimento de melhores coquetéis enzimáticos para a produção do etanol de segunda geração.



## **Caracterização do Complexo Rapamicina-FKBP12-TOR em plantas C4.**

Bolsista: Luís Guilherme Furlan de Abreu

Universidade: Universidade Federal de São Carlos – *campus* Araras

Orientador: Dra. Camila Caldana

Co-Orientador: Viviane C.H. da Silva

### **Resumo**

O aumento da produção de biomassa está diretamente relacionado ao crescimento vegetal e é dependente da integração entre fatores ambientais, como disponibilidade de nutrientes, e internos, como status energético. Um dos reguladores de crescimento é a quinase “*Target Of Rapamycin*” (TOR) pertencente à família das fosfoinositol 3-quinases (PIKK). Uma vantagem de estudar esta proteína deve-se a possibilidade de inibição específica por uma droga chamada rapamicina, que induz à formação de um complexo entre a droga, TOR e uma imunofilina da família das proteínas FK506, denominada peptidyl-prolyl isomerase FKBP12. Em plantas superiores, ao contrário de outros eucariotos, o tratamento com rapamicina não resulta em um fenótipo claro de inibição de crescimento, devido a alterações nos aminoácidos da proteína FKBP12 que são críticos para a interação com rapamicina, impossibilitando a formação de um complexo estável com TOR. Contudo, resultados preliminares de nosso grupo indicam uma redução no crescimento em plantas de *S. italica* tratadas com rapamicina em comparação com plantas crescidas nas condições controle (DMSO). Assim, este trabalho

tem como objetivo principal a caracterização da resposta molecular de inibição do crescimento de *S. italica* por rapamicina. Análise comparativa da sequência de aminoácidos de FKBP12 apresenta fortes indícios de que a interação com a droga possa

ocorrer em *Setaria*. Ensaio de crescimento de *Setaria* tratadas com rapamicina em meio

líquido resultam em redução do sistema radicular e sua zona meristemática. Além disso,

estão sendo realizados estudos de complementação de fenótipo de cepa mutante de levedura incapaz de expressar FKBP12 funcional transformadas com SiFKBP12 para confirmação da formação deste complexo.



## **Influência de diferentes fotoperíodos sobre o metabolismo de carbono em plantas de *Setaria italica***

Bolsista: Keila Suemi Kawakami

Universidade: Universidade Federal de São Carlos

Nome do Orientador: Dra. Marina Câmara Mattos Martins

### **Resumo**

As plantas são consideradas os sistemas químicos mais sofisticados existentes no planeta, capazes de utilizar a luz solar para converter CO<sub>2</sub> em carboidratos nas folhas durante o dia pelo processo de fotossíntese. Durante a noite, o metabolismo e crescimento vegetal dependem das reservas de carboidratos, acumuladas geralmente na forma de amido. Pelo seu estilo de vida sésstil, as plantas necessitam adaptar-se às flutuações ambientais diárias, sincronizando eventos internos e externos. Neste projeto estudamos a influência de diferentes fotoperíodos no metabolismo de carbono (C) na gramínea *Setaria italica*, considerada uma planta modelo de fotossíntese C<sub>4</sub>. Flutuações na síntese e degradação de amido, açúcares solúveis e açúcares fosforilados foram avaliadas em dois fotoperíodos: natural (13 h luz/11 h escuro) e de dias curtos (8 h luz/16 h escuro). Foi possível verificar que essa espécie possui níveis de amido nas folhas similares aos descrito para a planta modelo C<sub>3</sub> *Arabidopsis thaliana* e também consegue se adaptar em relação à mudança no fotoperíodo, alterando a velocidade de degradação de amido conforme o comprimento da noite, de maneira a evitar privação de C. Essa gramínea acumula grandes quantidades de açúcares solúveis nos caules, que se comportam como órgão de armazenamento.



## **Simulação do crescimento da cana-de-açúcar sob irrigação e sequeiro por meio do modelo SWAP/WOFOST.**

Bolsista: Luís Fernando Pirondi Junior

Universidade: Universidade Estadual de Campinas

Orientador: Dr. Fábio Vale Scarpere

### **Resumo**

No Brasil, a cana-de-açúcar possui significativa importância econômica devido à expansão da atividade sucroalcooleira, no entanto, sua produtividade vem diminuindo principalmente devido a problemas com relação à disponibilidade de hídrica nas áreas produtoras. Esta pesquisa tem como objetivo utilizar o modelo SWAP/WOFOST para simular e avaliar a resposta da cana-de-açúcar a diferentes níveis de estresse causados por este déficit hídrico. Dados experimentais APTA, localizado no município de Jaú, São Paulo, em Latossolo Vermelho em condição de sequeiro e sob irrigação por gotejamento subsuperficial, em soqueiras da variedade SP 80-3280 foram utilizados. Inicialmente, a pesquisa consistiu de revisão de literatura de artigos científicos e apostilas para melhor compreensão dos conceitos e termos da área agrícola e também sobre a programação da modelagem. Após essa etapa, foi feita a busca por dados de entrada do modelo (input) e a construção, passo a passo, dos arquivos necessários para a simulação. Por fim, foram realizados alguns testes para determinar o funcionamento correto dos arquivos construídos e também avaliar parcialmente os resultados obtidos. Nesse momento, obtivemos resultados satisfatórios com relação aos observados em campo. A avaliação parcial se deve a fase intermediária da pesquisa, dependência de dados de terceiros para comparação e adaptação da modelagem para situações específicas do experimento que não são contempladas pelo modelo SWAP. Contudo, a expectativa é que com a continuidade do trabalho seja possível concluir a pesquisa satisfatoriamente.



## **Estudo comparativo do desenvolvimento intracelular do *Trypanosoma cruzi* e a sua susceptibilidade a fármacos em diferentes linhagens celulares**

Bolsista: Luísa Santos Naves

Universidade: Universidade Estadual de Campinas

Orientadora: Dra. Carolina Borsoi Moraes

### **Resumo**

A doença de chagas Chagas, causada pelo protozoário parasita *Trypanosoma cruzi*, é uma doença que atinge oito milhões de pessoas ao redor mundo (WHO, 2013) e pode levar a um grave processo inflamatório, resultando em severos danos ao funcionamento normal do coração e do aparelho digestivo. O *T. cruzi* é capaz de infectar diferentes linhagens celulares, estudos sugerem que parasitas de uma mesma cepa apresentam taxa de crescimento diferente em células hospedeiras diferentes. O objetivo deste estudo é desenvolver ensaios in vitro para a análise da infecção de uma cepa de *Trypanosoma cruzi* em diferentes linhagens celulares e a susceptibilidade dessas infecções a possíveis fármacos usados no tratamento da infecção, conhecendo de antemão quais fármacos são eficazes no tratamento às essas infecções e eliminando fármacos que não apresentam as características analisadas neste estudo.



**Prospecção de hemicelulases oriundas do fitopatógeno *Xanthomonas axonopodis pv. citri 306* com potencial aplicação na hidrólise de biomassa.**

Bolsista: Vanesa Peixoto de Matos Martins

Universidade: Universidade Estadual de Campinas

Orientador: Dr. Mário Tyago Murakami

**Resumo**

Esse relatório compreende as atividades de desenvolvimento do projeto de iniciação científica com foco no estudo estrutural e funcional de duas xilanases (XAC4249 e XAC4254) do fitopatógeno *Xanthomonas axonopodis pv citri 306*, buscando compreender as particularidades dessas enzimas e acumular insumos para utilizá-las em novas e/ou melhoradas aplicações biotecnológicas. A abordagem experimental desse projeto foi dividida em: clonagem em um vetor de expressão (pET28a) dos genes apresentados; expressão e purificação dessas enzimas; ensaios estruturais, biofísicos e funcionais. Dentre os resultados obtidos, destacam-se (alguns obtidos em colaboração): cristalização e resolução de estrutura de XAC4249 por Substituição Molecular e sua caracterização funcional; produção do mutante XAC4249L270R e a caracterização biofísica inicial desse mutante; cristalização e resolução de estrutura de XAC4254 por Sinal Anômalo de Átomo Pesado. Assim, as principais conclusões do trabalho desenvolvido foram: a XAC4249 se apresenta na forma dimérica em solução, sendo a primeira GH10 com tal característica, fato esse que lhe confere um diferente padrão de clivagem, tendo maior afinidade por oligossacarídeos; o mutante pontual XAC4249L270R, por sua vez, se apresenta na forma monomérica em solução, indicando que a mutação proposta, de substituição de uma Leucina por uma Arginina, foi capaz de impedir a interação entre dois monômeros e desobstruir o sítio ativo da enzima (fato comprovado por testes funcionais); a XAC4254 apresentou afinidade por xilano, comportando-se, portanto, como uma “xilanase clássica”, contudo, através da resolução de sua estrutura terciária, foi possível a identificação de um novo sítio de interação com íon  $Ca^{2+}$  que não havia sido descrito para outras proteínas da mesma família. Desse modo, pode-se dizer que essas proteínas apresentaram muitas particularidades, validando a relevância do estudo em questão e suscitando questionamentos sobre a relevância dessas proteínas no sistema de interação planta-patógeno.



## **Descoberta e desenvolvimento de fármacos contra câncer: caracterização bioquímica e estrutural da interação de agentes anticâncer com seus alvos enzimáticos**

Bolsista: Beatriz David Padilha

Universidade: Universidade Estadual de Campinas

Orientador: Dra. Daniela Barreto Barbosa Trivella

### **Resumo**

Este projeto tem como principal intuito a descoberta e o desenvolvimento de fármacos contra o câncer, com a caracterização bioquímica e estrutural da interação de agentes anticâncer com seus alvos enzimáticos. A primeira etapa deste projeto consiste na obtenção dos alvos enzimáticos, estabelecimento de protocolos para realização dos ensaios enzimáticos e protocolos de cristalização das enzimas. Neste projeto de iniciação científica estas atividades foram desenvolvidas com os alvos enzimáticos Glutathione-S-Transferase (GST) e a proteína fosfatase de baixo peso molecular (LMW-PTP, do inglês Low Molecular Weight Protein Tyrosine Phosphatase).

As enzimas foram produzidas em sistema heterólogo, utilizando *E. coli* como célula hospedeira e purificadas por cromatografia de afinidade. As enzimas produzidas foram utilizadas para ensaios enzimáticos, biofísicos e de cristalização. Alguns inibidores de GST e LMW-PTP foram selecionados e submetidos a experimentos de *soaking* e co-cristalização com os cristais das enzimas produzidos. Algumas coletas de dados de difração de raio-X foram realizadas. O trabalho ainda encontra-se em andamento. Os resultados obtidos até o momento serão apresentados e discutidos neste relatório.



## **Comparação da atividade bactericida de nanopartículas de prata obtidas por diferentes metodologias.**

Bolsista: Ariadne Tuckmantel Bido

Universidade: Universidade Estadual de Campinas

Orientador: Dr. Mateus Borba Cardoso

### **Resumo**

Nanotecnologia ou nanociência é o estudo das propriedades dos materiais que, em pelo menos uma dimensão, está na escala do nanômetro (10<sup>-9</sup> m).<sup>1, 2</sup> A expansão da nanotecnologia deve-se à capacidade de modular os materiais, alterando drasticamente suas propriedades físicas, químicas e ópticas.<sup>3</sup> Uma das aplicações mais promissoras da nanotecnologia está no campo da medicina, dando origem à “nanomedicina”. Com o surgimento e propagação da resistência bacteriana, nanomateriais têm sido estudados como novos agentes antimicrobianos, devido às suas propriedades distintas, tais como, por exemplo, sua grande razão área superficial/volume.<sup>4</sup> Dentre diversos materiais, as nanopartículas de prata (AgNPs), têm atraído muito interesse devido às suas potenciais aplicações biomédicas, pois apresentam propriedades bactericidas e baixa propensão de induzir resistência microbiana quando comparados aos antibióticos convencionais<sup>5, 6</sup>, além de, em baixas concentrações, apresentarem baixa toxicidade para as células humanas.<sup>4, 7-11</sup>. Este estudo é uma continuação do comunicado no relatório parcial, em que foram utilizadas três diferentes metodologias para síntese de nanopartículas e suas propriedades bactericidas foram avaliadas utilizando as bactérias *Staphylococcus aureus* e *Escherichia coli*, apresentando resultados bastante promissores com relação à redução do número de colônias. Nesse relatório, foi estudado a citotoxicidade das nanopartículas anteriormente denominadas AgNP-PVP em células humanas HEK293T.



## **Refletância Multiespectral aplicada a estimativa de propriedades químicas do solo para uso em agricultura de precisão.**

Bolsista: Maria Thereza Nonato de Paula (Registro acadêmico:150747)

Universidade: Universidade estadual de Campinas

Orientador: Dr. Henrique C. Junqueira Franco

Co-Orientador: Dr. Paulo S. Graziano Magalhães

### **Resumo**

O objetivo deste estudo é investigar o potencial da técnica de espectroscopia de infravermelho próximo e infravermelho médio para determinação das propriedades do solo em substituição a análise química do solo. Para o estudo, amostras de componentes químicos presentes no solo serão primeiramente avaliados em laboratório das regiões NIR (800-2500 nm) e MIR (2500-25000 nm) para se detectar a assinatura espectral destes componentes isoladamente. Posteriormente estes componentes serão combinados e novamente avaliados para verificar qual é o melhor espectro de frequência para previsão das propriedades do solo. As mesmas amostras serão então avaliadas com o espectrofotômetro de campo (Fieldspec) para determinar a correlação entre os resultados. Propomos aqui, obter mapas de fertilidade do solo em cana-de-açúcar que podem ser aplicados em agricultura de precisão para prescrição de aplicação de nutrientes a taxa variada. Dados de sensoriamento serão calibrados com medidas realizadas em laboratório. Estes dados de sensoriamento indiretos serão calibrados com dados usando análises baseadas em laboratório tradicionais.



## **Catalisadores nanometálicos para a produção de hidrogênio a partir de água e etanol**

Aluna: Juliana Crucello

Universidade: Universidade estadual de Campinas

Orientadora: Dra. Daniela Coelho de Oliveira

### **Resumo**

O presente relatório destina-se à descrição das atividades realizadas no projeto de iniciação científica realizado no Centro Nacional de Pesquisa em Energia e Massa (CNPEM), no Grupo de Fluorescência e Absorção de Raios-X (FAX), do Laboratório Nacional de Luz Síncrotron (LNLS). O projeto prevê estudo de catalisadores formados por partículas metálicas de tamanho nanométrico na reação de reforma a vapor do etanol para a obtenção de hidrogênio. Atualmente deseja-se encontrar uma fonte de energia substituta ao petróleo. Desta forma, estudos são realizados com diversas fontes diferentes buscando obter a com melhor custo – benefício. Entre as diversas fontes de energia, destaca-se o hidrogênio; formas de obtenção do mesmo vêm sendo estudadas, dentre elas, a obtenção via reação catalítica da reforma a vapor do etanol tem se mostrado promissora. Neste relatório, são descritas a reação de reforma a vapor do etanol e a escolha dos catalisadores a serem estudados na obtenção de hidrogênio.

Foram preparados dois catalisadores para o estudo da reação de reforma. Uma das etapas mais importantes para o estudo da reação com diferentes catalisadores é a quantificação dos produtos gerados, que é um indicativo da eficiência do catalisador estudado. São apresentados os dados obtidos durante o desenvolvimento de um método de análise dos produtos por Cromatografia Gasosa, na primeira etapa. Todos os parâmetros avaliados, como temperatura, fluxo de gás, tipo de gás de arraste, e outros, foram sistematicamente estudados e otimizados para a obtenção de um método para análise qualitativa e, principalmente, quantitativa. São resumidos os resultados das análises realizadas a partir de um padrão gasoso e das reações com os catalisadores reais, como objetivo de obtenção deste método de análise. Outro método de quantificação, utilizando-se espectrometria de massas, foi estudado na segunda etapa; este método pode ser uma alternativa à cromatografia gasosa para comparação relativa do desempenho de catalisadores.



## **Levantamento de dados para uso de modelos biogeoquímicos na dinâmica do carbono do solo e das emissões de óxido nitroso do solo sob cana-de-açúcar**

Bolsista: Débora Venâncio Sousa

Universidade: Universidade Estadual de Campinas

Orientador: Dr. Marcelo Valadares Galdos

### **Resumo**

O desenvolvimento de modelos que simulem as interações entre o solo, a atmosfera e as culturas agrícolas é importante para obtenção de estratégias de produção mais eficientes e sistemas mais sustentáveis. A cana de açúcar que tem grande importância econômica, ambiental e social no Brasil. Este projeto de iniciação científica teve como foco a utilização de do modelo biogeoquímico APSIM na simulação de produção de biomassa na cultura da cana-de-açúcar. A fonte para o levantamento de dados foi o projeto temático FAPESP (2002/10.534-8) intitulado: “Rendimento da Cana-de-Açúcar em Ciclos Consecutivos Associado ao Efeito Residual e às Transformações de N e S no Solo, em Sistema Conservacionista”. Utilizou-se dados de um dos experimentos do projeto temático, com localização na Usina Santa Adélia, em Jaboticabal, São Paulo, em que foram comparados tratamentos envolvendo doses de fertilizante nitrogenado e o efeito na produção da cultura. O trabalho de modelagem fez parte do projeto FAPESP (2012/06933-6) intitulado “Dinâmica espaço-temporal do carbono do solo e emissões de óxido nitroso na cultura da cana-de-açúcar no Brasil - convergência entre modelos específicos de espaço e tempo”. Foi realizada a parametrização do modelo APSIM, com levantamento de dados fisiológicos e fenológicos de cana-de-açúcar e foram realizados testes estatísticos na comparação de dados medidos e simulados, utilizando-se a ferramenta MODEVAL para a validação do modelo. Os resultados apresentados neste relatório são preliminares, mas indicam que o modelo APSIM é adequado para simular a produção de biomassa e a partição entre compartimentos da cana-de-açúcar.



## **Estudo de enzimas aplicadas na Evolução Dirigida de leveduras industriais**

Bolsista: Amanda Silva de Sousa

Orientador: Dr. Roberto Ruller

O etanol de primeira geração atualmente no Brasil é produzido a partir da moagem da cana-de-açúcar, assim, o rendimento proveniente do processo de extração e fermentação de sacarose é de aproximadamente 35% do valor energético total da cana-de-açúcar. O restante do valor energético fica depositado na biomassa vegetal que é composta por celulose, hemicelulose e lignina. Para a utilização dessa biomassa, é preciso a realização do pré-tratamento para a remoção da lignina e hemicelulose e posteriormente ser submetido a processos subsequentes. Um deles é a conversão da lignocelulose em etanol a partir da hidrólise da celulose presente na biomassa gerando açúcares redutores que posteriormente, são fermentados por leveduras ou bactérias produzindo assim o etanol de segunda geração. Já a fração de pentoses provenientes do processo de hidrólise da hemicelulose possui alguns empecilhos. Pois, a via de fermentação de leveduras *S. cerevisiae*, principais fermentadoras industriais, não conseguem metabolizar pentoses, obtidos a partir do pré-tratamento da biomassa. O presente trabalho tem por objetivo duas frentes principais: 1 adaptar leveduras *S. cerevisiae* visando a fermentação de pentoses e 2 bioprospecção de microorganismos extremófilos e leveduras capazes de metabolizar e fermentar pentoses provenientes da biomassa vegetal da cana de açúcar.



## **Estudo de macromoléculas por crio-microscopia eletrônica de partículas isoladas**

Bolsista: Murilo Henrique Martinez Moreira

Universidade: Universidade Estadual de Campinas (UNICAMP)

Orientador: Dr. Rodrigo Villares Portugal

### **Resumo**

Existem diversas técnicas que podem ser utilizadas no estudo de estruturas de macromoléculas biológicas. Uma delas é a análise de partículas isoladas em imagens produzidas por microscopia eletrônica de transmissão. É sobre o aprendizado e aplicação dessa técnica que trata o presente projeto de iniciação científica. Em primeiro instante foi feito um estudo sobre metodologias, desde preparo de amostras e medidas até a análise de dados. As macromoléculas estudadas foram hemocianina e hemoglobinas de diferentes organismos. Durante a fase de aquisição de dados, onde a amostra não se encontrava disponível para a análise, foi feito o processamento de um conjunto padrão de imagens, oferecidas durante o curso V Brazil School for Single Particle Cryo-EM. O conjunto de dados processado, nesta etapa do trabalho, foi da hemoglobina de *Lumbricus terrestris*. Através da análise de partículas isoladas foi possível obter um modelo tridimensional da macromolécula com uma resolução estimada em 15 Å pelo critério de ½ bit. Após este estudo, com as amostras de hemocianina disponíveis e a coleta de dados realizada, foi possível estudar as micrografias. Durante a análise dos dados identificaram-se problemas com o robô de preparo de amostras e com o processo de extração das hemocianinas. Após a alteração do processo de extração, observaram-se estruturas compatíveis com hemocianinas do tipo 2x6mer e 4x6mer nas amostras analisadas.



## **Influência da autofagia na diferenciação miogênica de células C2C12**

Bolsista: Jessica Marcelino Toscaro

Universidade: Pontifícia Universidade Católica de Campinas

Orientador: Carolina Fernanda Manfredi Zambon Clemente

### **Resumo**

A linhagem celular C2C12 é um modelo bem estabelecido para a diferenciação miogênica in vitro. Apesar de bem estabelecido, ainda pouco se sabe sobre a importância da autofagia durante o processo de diferenciação miogênica. A autofagia é um mecanismo de degradação intracelular pela via do lisossomo. Sob condições normais, este é um mecanismo contínuo, reparador, autossustentado, para a reciclagem de componentes celulares, como proteínas de meia vida longa e organelas danificadas. Entretanto, alterações nos níveis de autofagia têm sido associadas a fisiopatologias como câncer, doenças neurodegenerativas e insuficiência cardíaca. Este estudo tem como objetivo caracterizar e avaliar a importância da autofagia durante a diferenciação de mioblastos C2C12 em miotubos.



## **Desenvolvimento de abordagens computacionais aplicadas em genomas de microrganismos com aplicação biotecnológica**

Bolsista: Brenda Oliveira Ramires

Universidade: Universidade Estadual de Campinas

Orientador: Fabio Marcio Squina

### **Resumo**

Primeiros resultados da montagem do genoma do *Thermus filiformis* (ATCC 43280), uma bactéria termofílica com grande potencial biotecnológico por suas enzimas termoestáveis e capacidade de produzir carotenoides. Os dados de sequenciamento foram gerados utilizando a plataforma Illumina MiSeq e o tamanho do genoma foi estimado em 3.1Mbp a partir do método da contagem dos k-meros[2]. O processo de montagem começou com a limpeza da amostra, através do Trimmomatic, para retirar os dados de baixa qualidade. Para montagem dos contigs, Velvet foi utilizado, executado várias vezes a para k-meros diferentes. Velvet realiza a montagem a partir de grafos de Bruijn. Nesta estratégia, o comprimento dos k-meros é muito importante. Os resultados para diversos k-meros foram comparados pelo Quast, a fim de selecionar aquele que forneceria o menor número de contigs. O k-mero escolhido para as próximas etapas de montagem, foi 87.