



ANAIS DO II CONGRESSO NACIONAL DE CITOLOGIA, GENÉTICA E BIOLOGIA MOLECULAR ON-LINE (II CONACIGEN)

*Junielson Soares da Silva
Luanna Alves Miranda
Isaquiel de Moura Ribeiro Azevedo*
Organizadores



II CONACIGEN

II Congresso Nacional de Citologia, Genética e
Biologia Molecular On-line



ANAIS DO II CONGRESSO NACIONAL DE CITOLOGIA, GENÉTICA E BIOLOGIA MOLECULAR ON-LINE (II CONACIGEN)

Junielson Soares da Silva
Luanna Alves Miranda
Isaquiel de Moura Ribeiro Azevedo
Organizadores



II CONACIGEN

II Congresso Nacional de Citologia, Genética e
Biologia Molecular On-line

ANAIS DO II CONGRESSO NACIONAL DE CITOLOGIA, GENÉTICA E BIOLOGIA MOLECULAR ON-LINE (II CONACIGEN)

Junielson Soares da Silva

Luanna Alves Miranda

Isaquiel de Moura Ribeiro Azevedo

Organizadores

©2024 by Wissen Editora
Copyright © Wissen Editora
Copyright do texto © 2023 Os autores
Copyright da edição © Wissen Editora
Todos os direitos reservados

Direitos para esta edição cedidos pelos autores à Wissen Editora.



Todo o conteúdo desta obra, inclusive correção ortográfica e gramatical, é de responsabilidade do(s) autor(es). A obra de acesso aberto (Open Access) está protegida por Lei, sob Licença Creative Commons Atribuição-Não Comercial-Sem Derivações 4.0 Internacional, sendo permitido seu *download* e compartilhamento, desde que atribuído o crédito aos autores, sem alterá-la de nenhuma forma ou utilizá-la para fins comerciais.

Editores Chefe: Dra. Adriana de Sousa Lima
Me. Junielson Soares da Silva
Ma. Neyla Cristiane Rodrigues de Oliveira
Dra. Denise dos Santos Vila Verde

Projeto Gráfico e Diagramação: Neyla Cristiane Rodrigues de Oliveira

Imagem da Capa: Canva

Edição de Arte: Isaquiel de Moura Ribeiro Azevedo

Revisão: Os Organizadores
Os autores

Informações sobre a Editora
Wissen Editora
Homepage: www.editorawissen.com.br
Teresina - Piauí, Brasil
E-mails: contato@wisseneditora.com.br
wisseneditora@gmail.com

Siga nossas redes sociais:



@wisseneditora



Anais do II Congresso Nacional de Citologia, Genética e Biologia Molecular On-line (II CONACIGEN)

2ª edição

Organização:



[@bio10digitalcursos](https://www.instagram.com/bio10digitalcursos)

Apoio científico:



[@wisseneditora](https://www.instagram.com/wisseneditora)



[@jesh.journal](https://www.instagram.com/jesh.journal)



[@rensin.revista](https://www.instagram.com/rensin.revista)

Anais do II Congresso Nacional de Citologia, Genética e Biologia Molecular On-line (II CONACIGEN)

2ª edição

 <https://doi.org/10.52832/wed.129>

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP) Câmara Brasileira do Livro, SP, Brasil

Congresso Nacional de Citologia, Genética e Biologia Molecular On-line (2.: 2024:
On-line)

Anais do II Congresso Nacional de Citologia, Genética e Biologia Molecular On-
line (II CONACIGEN) [livro eletrônico] / organização Junielson Soares Da Silva,
Luanna Alves Miranda, Isaquiel de Moura Ribeiro Azevedo. -- 2. ed. -- Teresina, PI:
Wissen Editora, 2024.

PDF

Vários autores.

ISBN: 978-65-85923-32-3

DOI: 10.52832/wed.129

1. Biologia - Congressos 2. Biologia molecular 3. Citologia 4. Genética 5.
Pesquisas I. Silva, Junielson Soares Da. II. Miranda, Luanna Alves. III. Azevedo,
Isaquiel de Moura Ribeiro. IV. Título.

24-240655

CDD-574.06

Índices para catálogo sistemático:

1. Biologia: Congresso 574.06

Eliane de Freitas Leite - Bibliotecária - CRB 8/8415

Informações sobre da Wissen Editora

Homepage: www.editorawissen.com.br

Teresina - Piauí, Brasil

E-mails: contato@wisseneditora.com.br

wisseneditora@gmail.com

Como citar: SILVA, J. S. da; MIRANDA, L. A.; AZEVEDO, I. de M. R. Anais do II Congresso Nacional de
Citologia, Genética e Biologia Molecular On-line. v. 2, Teresina: Wissen Editora, 2024, [Online]. **Anais** [...]. 2. ed.
Teresina: Wissen Editora, 2024. DOI: <https://doi.org/10.52832/wed.129>

CRENCIAIS DO II CONACIGEN

Coordenador Geral	Me. Adriele Nascimento Santana
Vice-Coordenadora Geral:	Dra. Denise dos Santos Vila Verde
Coordenadora da Comissão Científica:	Ma. Luanna Alves Miranda
Comissão Organizadora	Adriele Nascimento Santana Luanna Alves Miranda Gabriela dos Santos Alves Felipe Azevedo da Silva Viera Carlos Roberto dos Santos Veras Denise dos Santos Vila Verde Isaquiél de Moura Ribeiro Azevedo Junielson Sares da Silva
Comissão Científica	Daniel Carlos Machado Adriele Nascimento Santana Denise dos Santos Vila Verde Junielson Sares da Silva Luanna Alves Miranda Lorrane de Souza Chaves Mirian Vieira Teixeira Silmare Nogueira do Nascimento Pereira
Avaliadores de Trabalhos	Adílio Macedo Santos Bruno Marcos Nunes Cosmo Carlos Eduardo Fortes Gonzalez Daniel Carlos Machado Érica Louback de Oliveira Fábio Freitas dos Santos Flávio Antônio Zagotta Vital Jaqueline Inez de Santana Larissa Andréia Ferreira Sampaio Lorrane de Souza Chaves Luanna Alves Miranda Mirian Vieira Teixeira Rafael Espósito de Lima

Renan Bisi cypriano

Silmare Nogueira do Nascimento Pereira

Avaliadores de Vídeo-Pôster Adriele Nascimento Santana

Luanna Alves Miranda

PROGRAMAÇÃO

Minicurso e Ministrante **Minicurso:** Avaliação citológica de lesões neoplásicas em amostra de mama
Ministrante: João Marcos Oliveira da Silva

Minicurso: Mutagenicidade e controle do ciclo celular
Ministrante: Schirley Costalonga

Minicurso: Composição e fisiologia do sistema imunológico: como as células atuam no processo de defesa no nosso organismo?
Ministrante: Mônica Barbosa de Sousa Freitas

Minicurso: agricultura e genética: A influência dos resíduos de agrotóxicos nas alterações genéticas
Ministrante: Luanna Alves Miranda

Palestras e Palestrantes **Palestra:** Abertura do II CONACIGEN
Palestrante: Denise dos Santos Vila Verde

Palestra: Doenças genéticas humanas raras: Panorama Científico Brasileiro
Palestrante: Marcos Antonio Nobrega de Sousa

Palestra: Zebrafish como Modelo para Análise de Contaminação Ambiental: Testes do Cometa Alcalino e Micronúcleo
Palestrante: Tiago Tomiama Alvim

Palestra: Importância da biologia molecular para diagnóstico precoce de doenças infecciosas
Palestrante: Gislaíne da Silva Rodrigues

Palestra: Análise de polimorfismos genéticos aplicada ao estudo do cancer
Palestrante: Sarah Lott Moretto

Palestra: Aulas de Biologia celular por microscopia óptica para o Ensino Médio sem produtos químicos
Palestrante: Carlos Eduardo Fortes Gonzalez

Palestra: Ensaio de Genotoxicidade e Mutagenicidade: Métodos Diagnósticos na Investigação dos Impactos Provocados por Xenobióticos na Saúde Humana e Ambiental
Palestrante: Vanessa Soares

Palestra: A mutagenicidade como estratégia das espécies exóticas invasoras na ocupação de novos habitats
Palestrante: Schirley Costalonga

Palestra: Métodos para isolamento de linfócitos teciduais

Palestrante: Pedro Henrique Doleski

Palestra: CRISPR dCas9 aplicado a Expressão genica

Palestrante: Renan Bisi Cypriano

Palestra: Aconselhamento Genético no Brasil: Formação, Prática e Desenvolvimento Multiprofissional do Paciente

Palestrante: Hiane Aparecida da Silva Teixeira

Palestra: Drosophila melanogaster como ferramenta na avaliação de compostos mutagênicos

Palestrante: Maria Eduarda Souza Alves

Palestra: Nanotecnologia nas escolas

Palestrante: Amanda Kelly Silva de Albuquerque

Palestra: Encerramento do CONACIGEN

Palestrante: Denise dos Santos Vila Verde

PREMIAÇÃO EM MENÇÃO HONROSA

Vídeo-Poster

1º Lugar: SUBCOMPLEXO *Triatoma costalimai* (HEMIPTERA, TRIATOMINAE): NOVA ORGANIZAÇÃO PROPOSTA COM BASE EM ESTUDOS FILOGENÉTICOS E COMPORTAMENTAIS

Autores: *Isabella da Silva Masarin, Jader de Oliveira, Cleber Galvão Ferreira, Kaio Cesar Chaboli Alevi*

2º Lugar: A CITOLOGIA DE *Pleodorina SHAW* E *Volvox* L. (VOLVOCACEAE) REVELANDO INDÍCIOS EVOLUTIVOS DA MULTICELULARIDADE EM VIRIDIPLANTAE

Autor: *Flávio Antônio Zagotta Vital*

3º Lugar: ABORDAGEM INOVADORA: TERAPIA CART NO COMBATE A LEUCEMIA

Autores: *Marina Vitória Santos Souza, Rillary Islane Alves Pereira*

SOBRE OS ORGANIZADORES

Junielson Soares da Silva



Mestre e doutorando em Genética, Conservação e Biologia Evolutiva (PPG-GCBEv), pelo Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia (INPA). Licenciado em Ciências Biológicas pela Universidade Federal do Piauí, onde participou do Pibid. Especialista em Saúde Pública, e em Educação Ambiental pelo Instituto Superior de Educação São Judas Tadeu-ISESJT. Vem estudando o efeito de substâncias derivadas de plantas em mosquitos vetores de arboviroses (*Aedes aegypti* e *Ae. albopictus*). Tem experiência em metodologia de Ensino de Ciências da Natureza (Ciências e Biologia) e Formação de Professores. É editor-chefe de revistas científicas (Journal of Education, Science and Health JESH, Journal of

Research in Medicine and Health JORMED, Revista Ensinar - RENSIN e Revista Base Científica) e da Wissen Editora.

Luanna Alves Miranda



Doutoranda e Mestre em Genética e Melhoramento pela Universidade Federal do Espírito Santo (UFES), com ampla experiência na análise de Fitocitogenotoxicidade, meu trabalho concentra-se na investigação da toxicidade de pesticidas nos ecossistemas. Graduada em Licenciatura e Bacharelado em Ciências Biológicas pelo Instituto Federal do Espírito Santo (IFES), onde também atuei como bolsista do programa PIBID de iniciação à docência e como voluntária no Programa Institucional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (PICI).

Isaquiél de Moura Ribeiro Azevedo



Mestrando no programa de Ensino de Ciências, Matemática e Tecnologias pela Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC). É pós-graduado em Educação em Ciências e Matemática pelo Instituto Federal de Santa Catarina (IFSC) e em Ciências da Natureza, suas Tecnologias e o Mundo do Trabalho pela Universidade Federal do Piauí (UFPI). Formado em Ciências Biológicas pelo Instituto Federal do Piauí (IFPI), onde desenvolveu atividades acadêmicas e pedagógicas por meio do Programa Institucional de Bolsas de Iniciação à Docência (PIBID), com enfoque no ensino de Ciências e Biologia.



SUMÁRIO

CITOLOGIA ESTRUTURA E FUNÇÃO CELULAR.....	17
ISOLAMENTO DE LINFÓCITOS RESIDENTES DE ÓRGÃOS IMUNES PRIMÁRIOS, SECUNDÁRIOS E FÍGADO: METODOLOGIA E SUAS APLICAÇÕES NA PESQUISA ...	18
Pedro Henrique Doleski ^{*1} ; Willian Douglas dos Santos Rocha ²	18
CITOLOGIA CITOGENÉTICA E CITOMETRIA DE FLUXO.....	19
CORANTES FLUORESCENTES NA CITOMETRIA DE FLUXO: MECANISMOS E APLICAÇÕES EM ANÁLISES CELULARES.....	20
Pedro Henrique Doleski ^{*1} ; Douglas Gonçalves Friedrichs ²	20
OUTRAS ÁREAS DA CITOLOGIA.....	21
CARACTERÍSTICAS CITOLÓGICAS PARA DIAGNÓSTICO DE TUMOR VENÉREO TRANSMISSÍVEL (TVT) CANINO	22
Samuel Pagoto de Souza ¹	22
O QUE OS ASPECTOS CITOLÓGICOS DE <i>Volvox</i> L. (VOLVOCACEAE) PODEM ELUCIDAR SOBRE A EVOLUÇÃO DAS CHLOROPHYCEAE?.....	23
Flávio Antônio Zagotta Vital ¹	23
INFLUÊNCIA DA VIA WNT CLÁSSICA NA TRANSIÇÃO EPITÉLIO MESENQUIMAL E ANGIOGÊNESE.....	24
Carlos Vinicius Expedito de Souza ^{*1} ; João Marcos Oliveira da Silva ² ; Hanna Karolina de Araujo Batistão ³ ; Larissa Pereira Damasceno ⁴ ; Vinicius Bernardo de Oliveira ⁵ ; Angel Mauricio Castro Gamero ⁶	24
LESÕES CAUSADAS PELA TUBERCULOSE E SUAS REPERCUSSÕES BIOQUÍMICAS- TECIDUAIS PARA O TRATAMENTO MEDICAMENTOSO	25
Iago Prina Rocha ^{1*} ; Valdirene Leão Carneiro ² ; Luciana Santos Cardoso ^{1*}	25
GENÉTICA MOLECULAR E HUMANA	26
AS PRINCIPAIS ENZIMAS ENVOLVIDAS NA REPLICAÇÃO DE DNA	27
Danilo Ferreira Campos ¹	27
GENÉTICA HUMANA E IMPACTOS AMBIENTAIS	28
Carlos Eduardo Fortes Gonzalez ^{1*}	28

HERANÇA MATERNA DE ANORMALIDADES EM MITOCÔNDRIAS E RETÍCULO ENDOPLASMÁTICO	29
Julio Cesar Valerio Roncato ^{1*} , Angélica Camargo dos Santos ¹ , Jaiane Santana da Paz ¹ , Lindomar de Oliveira Alves ¹ , Renan Omete Ferreira ¹ , Victória Cristina Cardoso da Paixão Hass Gonçalves ¹ , Marcos Roberto Chiaratti ¹	29
NANOTECNOLOGIA APLICADA A SAÚDE: PREVENÇÃO E DIAGNÓSTICO DE DOENÇAS PATOGÊNICA INFECCIOSAS.....	30
Bruno de Lucas Barros da Silva ¹ ; Artemis Socorro do Nascimento Rodrigues ² ; Luciana Sampaio Lima ³	30
O PAPEL DA DIVERSIDADE DE TLS DNA POLIMERASES HUMANAS PARA O DESENVOLVIMENTO DE NEOPLASIAS.....	31
Bruno de Lucas Barros da Silva ¹ ; Artemis Socorro do Nascimento Rodrigues ² ; Luciana Sampaio Lima ³	31
PROCESSO DE REPLICAÇÃO DO DNA: ETAPAS E IMPORTÂNCIA	32
Danilo Ferreira Campos ¹	32
GENÉTICA CLÍNICA E DIAGNÓSTICO DE DOENÇAS GENÉTICAS.....	33
TRIAGEM NEONATAL: A IMPORTÂNCIA DO TESTE GENÉTICO NA IDENTIFICAÇÃO PRECOCE DE DOENÇAS	34
Marina Vitória Santos Souza ^{*1} ; Karen Rayanne dos Santos Lima Nascimento ¹	34
GENÉTICA POPULACIONAL E EVOLUTIVA	35
ABORDAGENS GENÉTICAS: UMA REVISÃO DE LITERATURA SOBRE ANOMALIAS DO DESENVOLVIMENTO SEXUAL	36
Robert Sousa Lima ^{1*} ; Claudemir Antonio Garcia Fioratti ¹	36
CRUZAMENTO TESTE: ENTENDENDO O BÁSICO DOS TESTES E SUAS APLICAÇÕES	37
Danilo Ferreira Campos ¹	37
SUBCOMPLEXO <i>Triatoma costalimai</i> (HEMIPTERA, TRIATOMINAE): NOVA ORGANIZAÇÃO PROPOSTA COM BASE EM ESTUDOS FILOGENÉTICOS E COMPORTAMENTAIS.....	38

Isabella da Silva Masarin^{1*}; Jader de Oliveira²; Cleber Galvão³; Kaio Cesar Chaboli Alevi^{1,2,3}
..... 38

OUTRAS ÁREAS DA GENÉTICA..... 39

ABORDAGENS INOVADORAS: TERAPIA CAR-T NO COMBATE À LEUCEMIA 40

Marina Vitória Santos Souza¹; Ríllary Islane Alves Pereira²..... 40

ANÁLISES MOLECULARES PARA IDENTIFICAÇÃO DE ESPÉCIES DE PEPINOS-DO-MAR (ECHINODERMATA, HOLOTHUROIDEA) EXPLORADAS E COMERCIALIZADAS ILEGALMENTE NO BRASIL..... 41

Auany Camila Fantinelli¹, Natália dos Santos¹, Carlos Egberto Rodrigues Junior², Fabio Porto-Foresti¹; Ricardo Utsunomia¹ 41

GENES DE RESISTÊNCIA DO *Mycobacterium tuberculosis* À ISONIAZIDA..... 42

Iago Prina Rocha¹; Valdirene Leão Carneiro²; Louise Correia de Lima¹; Emile Ivana Fernandes Santos Costa¹ 42

GENES DE RESISTÊNCIA DO *Mycobacterium tuberculosis* À RIFAMPICINA 43

Iago Prina Rocha^{1*}; Valdirene Leão Carneiro² 43

MÉTODOS DE MELHORAMENTO GENÉTICO UTILIZADOS NA AGRICULTURA 44

Alberto dos Reis Fialho^{1*}; Alexsander Silva Alves¹; Arthur Aquino Chagas¹; Jorge Guilherme Costa Pecegueiro¹; José Sotero da Costa Neto¹; Veronica Carolina Matne Velasco¹..... 44

O POTENCIAL DA TERAPIA COM CÉLULAS CART-T NO MIELOMA MÚLTIPLO 45

Karen Rayanne dos Santos Lima do Nascimento^{1*}; Marina Vitória Santos Souza¹ 45

BIVALVES BRASILEIROS COMO INDICADORES DE GENOTOXICIDADE AQUÁTICA
..... 46

Laís Lacerda Brasil de Oliveira^{1*}; Marcos Antonio Nobrega de Sousa²..... 46

BIOLOGIA MOLECULAR EXPRESSÃO GÊNICA E REGULAÇÃO 47

MECANISMOS REGULATÓRIOS DA EXPRESSÃO GÊNICA NA ANGIOGÊNESE 48

Larissa Pereira Damasceno¹; João Marcos Oliveira da Silva²; Hanna Karolina de Araujo Batistão³; Carlos Vinicius Expedito de Souza⁴; Vinicius Bernardo de Oliveira⁵; Angel Mauricio Castro Gamero⁶ 48

POTENCIAL GÊNICO DA BACTÉRIA *Teredinibacter turnerae* MEDIANTE A SUA REPOSTA MOLECULAR PARA DEGRADAÇÃO DE CELULOSE COMO FOMENTO PARA BIOPROCESSOS..... 49

Fernando Gil Mesquita de Freitas Gonçalves¹; Francisco Alexandre Castro Santos²; Bruno Viana de Souza³; João Carlos da Costa Assunção⁴ 49

BIOLOGIA MOLECULAR GENÔMICA E PROTEÔMICA..... 50

ANÁLISE DO GENE HIPOTÉTICO ATP8 EM *Hypsibius dujardini*: ESTRUTURA E FUNÇÃO NA CODIFICAÇÃO DE PROTEÍNAS..... 51

Ana Paula Rezende Ferreira^{1*} 51

ANÁLISE GENÔMICA DO SARS-COV-2: UMA REVISÃO 52

Maria Cidinaria Silva Alves^{1*}; Ruana Carolina Cabral da Silva² 52

APLICAÇÕES DA BIOINFORMÁTICA NA IDENTIFICAÇÃO E ANÁLISE DE VARIANTES GENÉTICAS: UMA REVISÃO..... 53

Ruana Carolina Cabral da Silva^{1*}; Maria Cidinaria Silva Alves² 53

BIOPROSPECÇÃO DE POTENCIAIS BACTÉRIAS PROMOTORAS DO CRESCIMENTO DE PLANTAS ASSOCIADAS ÀS RAÍZES DE PIMENTEIRA-DO-REINO (*Piper nigrum* L.) 54

Anderson Moraes da Silva¹ 54

CARACTERIZAÇÃO DE PEPTÍDEOS ANTIMICROBIANOS ALPHA-HAIRPININ NO GENOMA DO FEIJÃO TEPÁRIO 55

Maria Cidinaria Silva Alves^{1*}; Ruana Carolina Cabral da Silva² 55

ESTRATÉGIAS ÔMICAS PARA A DESCOBERTA DE BIOMARCADORES EM DOENÇAS INFECCIOSAS E PARASITÁRIAS 56

Dayane Moraes¹ 56

GENÔMICA FUNCIONAL EM DOENÇAS COMPLEXAS: DESAFIOS E OPORTUNIDADES..... 57

Dayane Moraes¹ 57

MODELAGEM TRIDIMENSIONAL DE PROTEÍNAS SEMELHANTES À TAUMATINA DE OLIVEIRA SELVAGEM 58

Maria Cidinaria Silva Alves^{1*}; Ruana Carolina Cabral da Silva² 58

PERFIL PROTEÔMICO DO MÚSCULO GASTROCNÊMIO APÓS LESÃO DE TENDÃO CALCÂNEO.....	59
Filipe Balbino da Costa Lohmann ^{1*} ; Isabelle Souza Luz ¹ ; Fabricio Reichert Barin ¹ ; Ivo Vieira Sousa Neto ² ; Wagner Fontes ¹ ; Rita de Cássia Marqueti ¹	59
PRIMEIRA DESCRIÇÃO DO GENOMA MITOCONDRIAL COMPLETO DO <i>Gymnogeophagus labiatus</i> (TELEOSTEI; CICHLIFORMES; CICHLIDAE).....	60
Vinícius Gonçalves de Miranda ^{1*} ; Igor Henrique Rodrigues-Oliveira ² ; Iuri Batista da Silva ³ ; Karine Frehner Kavalco ⁴ ; Rubens Pasa ⁵	60
UTILIZAÇÃO DA PROTEÔMICA PARA IDENTIFICAÇÃO DE BIOMARCADORES EM INFECÇÕES FÚNGICAS.....	61
Dayane Moraes ¹	61
ENSINO DE CITOLOGIA, GENÉTICA OU BIOLOGIA MOLECULAR	62
A CONTRIBUIÇÃO DAS AULAS PRÁTICAS NO APRENDIZADO DE CITOLOGIA NO ENSINO MÉDIO	63
Marina Morais Zardo.....	63
A CONTRIBUIÇÃO DOS MATERIAIS DIDÁTICOS PARA O ENSINO APRENDIZAGEM DOS ESTUDANTES SOBRE BIOLOGIA MOLECULAR.....	64
Bruno de Lucas Barros da Silva ¹ ; Artemis Socorro do Nascimento Rodrigues ² ; Luciana Sampaio Lima ³	64
APRENDIZAGEM BASEADA EM PROJETOS (ABP) PARA O ENSINO DE BIOLOGIA: UMA REVISÃO.....	65
Ruana Carolina Cabral da Silva ¹ ; Maria Cidinaria Silva Alves ²	65
EDUCAÇÃO EM ASPECTOS AMBIENTAIS CITOLÓGICOS NO ENSINO MÉDIO	66
Carlos Eduardo Fortes Gonzalez.....	66
ENSINO DE GENÉTICA APLICADA POR MEIO DE TEMAS CONTEMPORÂNEOS	67
Carlos Eduardo Fortes Gonzalez ¹	67
ESTRATÉGIAS E METODOLOGIAS PARA O ENSINO DE GENÉTICA NO ENSINO BÁSICO: UMA REVISÃO.....	68
Ruana Carolina Cabral da Silva ^{1*} ; Maria Cidinaria Silva Alves ²	68

FERRAMENTA DIGITAL NO ENSINO DE BIOLOGIA: AVALIAÇÃO DA EFICÁCIA DE UM MINICURSO DE CANVA.....	69
Mário Jeová dos Santos ¹ ; Luana Lima Guimarães Alencar ²	69
JOGO PARA O ENSINO DE EVOLUÇÃO BIOLÓGICA: CAPIVOR - DUELO EVOLUTIVO	70
Jeniffer Gabrielly de Sousa Pereira ^{1*} ; Lucas Pinheiro Calado ² ; Dácio Daclélio Tenório da Silva³ ; Djeisiane Gomes da Silva ⁴ ; Ana Gabrielly mangueira da Silva Nunes⁵ ; Karoline de Oliveira Bezerra⁶ ; Marcos Antonio Nobrega de Sousa ⁷	70
MEIOSE: COLOCANDO A MÃO NA MASSA.....	71
Flavia Beatriz Mendes da Silva ^{1*} ; Vilma Loreto ²	71
USO DE REDES SOCIAIS NO ENSINO DE GENÉTICA: REVISÃO SISTEMÁTICA	72
Dácio Daclélio Tenório da Silva ¹ ; Lucas Pinheiro Calado ² ; Jeniffer Gabrielly de Sousa Pereira ³ ; Ana Gabrielly Mangueira da Silva Nunes ⁴ ; Marcos Antonio Nobrega de Sousa ⁵ ..	72
O YOUTUBE COMO FONTE DE ENSINO DE EPIGENÉTICA.....	73
Lucas Pinheiro Calado ¹ ; Dácio Daclélio Tenório da Silva ² ; Jeniffer Gabrielly de Sousa Pereira ³ ; Márcia de Oliveira Mendes ^{4*} ; José Anselmo Filho Barbosa Moura ^{5*} ; Marcos Antonio Nobrega de Sousa ^{6*}	73
OS CONHECIMENTOS ADQUIRIDOS PELO ENSINO PODEM SER TRANSMITIDOS PELA HERANÇA EPIGENÉTICA?	74
Gabrielle Nóbrega Alves ¹ ; Wesley Kauã da Silva Lima ² ; Marcos Antonio Nobrega de Sousa ³	74
OUTRAS ÁREAS DA BIOLOGIA MOLECULAR.....	75
CARACTERIZAÇÃO DO VIROMA DERMAL DE CÃES (<i>Canis lupus familiaris</i>) ATRAVÉS DE DADOS PÚBLICOS DE SEQUENCIAMENTO DE NOVA GERAÇÃO.....	76
Fabiano Bezerra Menegidio ^{1*} ; Odilon Gonçalo Pinho Mendes Batista ¹ ; Paulo Sallarola Takao ¹	76



II CONACIGEN
II Congresso Nacional de Citologia, Genética e
Biologia Molecular On-line

CITOLOGIA ESTRUTURA E FUNÇÃO CELULAR

ISOLAMENTO DE LINFÓCITOS RESIDENTES DE ÓRGÃOS IMUNES PRIMÁRIOS, SECUNDÁRIOS E FÍGADO: METODOLOGIA E SUAS APLICAÇÕES NA PESQUISA

Pedro Henrique Doleski^{*1}; Willian Douglas dos Santos Rocha²

¹Doutor em Ciências Biológicas pela Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), Departamento de Biologia, Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), Santa Maria-RS, Brasil; ²Estudante de Graduação em Medicina, Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), Santa Maria-RS, Brasil

*Autor correspondente: pedro.doleski@acad.ufsm.br

AT01: Citologia: Estrutura e função celular.

Os linfócitos são células imunes cruciais na manutenção da resposta imunológica e consequente na defesa do organismo. Divididos em dois grandes grupos, os linfócitos B são responsáveis pela produção de anticorpos, enquanto que, os linfócitos T participam da imunidade celular, realizando desde a eliminação de células infectadas até o desenvolvimento de perfis imunes pela secreção de citocinas. Portanto, o estudo dessas células é fundamental para o avanço da compreensão do sistema imunológico, e o isolamento de linfócitos é um passo essencial no campo da pesquisa científica. No entanto, alguns testes laboratoriais necessitam do isolamento de linfócitos viáveis e íntegros para a sua realização. Dessa forma, o presente texto apresenta técnicas para o isolamento de linfócitos residentes dos órgãos imunes primários, secundários e no fígado de ratos *Wistar*. Por fim, o capítulo apresenta resultados relevantes de pesquisas já realizadas seguindo tais técnicas e discute seus benefícios para a imunologia.

Palavras-chave: Linfócitos. Isolamento celular. Linfogênese.



II CONACIGEN
II Congresso Nacional de Citologia, Genética e
Biologia Molecular On-line

CITOLOGIA CITOGENÉTICA E CITOMETRIA DE FLUXO

CORANTES FLUORESCENTES NA CITOMETRIA DE FLUXO: MECANISMOS E APLICAÇÕES EM ANÁLISES CELULARES

Pedro Henrique Doleski^{1*}; Douglas Gonçalves Friedrichs²

¹Doutor em Ciências Biológicas - Bioquímica Toxicológica pela Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), Docente do Instituto de Biologia (IB), Departamento de Fisiologia e Farmacologia (DFF), Universidade Federal de Pelotas (UFPEL), Pelotas-RS, Brasil; ²Estudante de Graduação em Farmácia, Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), Santa Maria-RS, Brasil

*Autor correspondente: pedro.doleski@acad.ufsm.br

AT03: Citologia: Citogenética e citometria de fluxo.

A citometria de fluxo é uma técnica poderosa para a análise rápida de células e partículas, permitindo a medição de características físico-químicas enquanto passam por feixes de laser. Os corantes fluorescentes desempenham um papel crucial nesse processo, pois possibilitam a detecção e quantificação de marcadores celulares específicos. Uma justificativa importante para o uso de corantes fluorescentes em vez de anticorpos fluorescentes é o custo reduzido, já que os corantes são moléculas sintéticas de simples produção. Este artigo analisa a importância dos corantes fluorescentes na citometria de fluxo, com foco em produtos das principais empresas do setor: Merck, Thermo Fisher e BD. A metodologia adotada foi uma revisão narrativa da literatura, destacando mecanismos de ação e aplicações em viabilidade, proliferação e apoptose. Os resultados demonstram que os corantes oferecem alta sensibilidade e simplificam a preparação das amostras, permitindo a realização de estudos dinâmicos em células vivas. Assim, a citometria de fluxo, potencializada por esses corantes, se revela uma ferramenta vital para o avanço do conhecimento médico.

Palavras-chave: Análise quantitativa. Diagnóstico clínico. Marcadores celulares. Viabilidade celular. Proliferação celular.



II CONACIGEN
II Congresso Nacional de Citologia, Genética e
Biologia Molecular On-line

OUTRAS ÁREAS DA CITOLOGIA

CARACTERÍSTICAS CITOLÓGICAS PARA DIAGNÓSTICO DE TUMOR VENÉREO TRANSMISSÍVEL (TVT) CANINO

Samuel Pagoto de Souza¹

¹Centro Universitário Barão de Mauá

*Autor correspondente: samuelps1452@gmail.com

AT04: Outras áreas da citologia.

Introdução: O TVT canino é um tipo de tumor peculiar, sua origem é discutível com aspectos morfológicos ditos como células redondas. A sua transmissão é pelo contato com mucosas, normalmente as nasais ou genitais, devido ao comportamento dos animais. Normalmente ocorre durante o coito. A regressão espontânea pode acontecer, nesses casos o cão desenvolve imunidade contra o tumor.

Objetivo: Demonstrar as características para diagnóstico de TVT, assim como seus métodos de coleta.

Metodologia: Busca de dados nas plataformas Google Acadêmico, Scielo, EBSCO e Pubvet em língua inglesa e portuguesa. **Resultados:** A metástase é mais comum em linfonodos regionais como os linfonodos inguinais superficiais em casos de acometimento da genitália. Porém, talvez ocorra relatos de casos com metástase em órgãos como os pulmões, fígado, pâncreas e cérebro. Para obter o material citológico pode ser feito o imprint da lesão ou punção por agulha fina (PAF). A incidência é mais comum em cães jovens sexualmente ativos. Os canídeos domésticos gregários e de zonas com menores condições costumam apresentar a ocorrência da doença. A morfologia macroscópica apresenta massas tumorais proliferativas verrucosas que se projetam da mucosa genital. A massa normalmente é avermelhada e friável, pode ser liso ou granular, aspectos de “couve-flor”. Tamanhos e formas são variados, por vezes, multirregionais. Nos machos o padrão é a base da glândula, enquanto nas fêmeas caudal a vagina e no vestíbulo. Já na morfologia microscópica é visto células redondas e ovoides em cordões, fileiras e/ou soltas. Os núcleos são grandes arredondados de cromatina agregada ao nucléolo evidente. O citoplasma em quantidade moderada, basofílico, normalmente bem vacuolizado. Alta contagem de mitoses, com presença de linfócitos, por vezes, eosinófilos e macrófagos. **Conclusões:** O TVT é uma neoplasia de células redondas capaz de ser obtida por imprint ou PAF podendo ser diagnosticada por citologia.

Palavras-chave: Citoplasma. Genitais. Morfologia. Mucosa.

O QUE OS ASPECTOS CITOLÓGICOS DE *Volvox* L. (VOLVOCACEAE) PODEM ELUCIDAR SOBRE A EVOLUÇÃO DAS CHLOROPHYCEAE?

Flávio Antônio Zagotta Vital¹

¹Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Minas Gerais (IFMG)

*Autor correspondente: flavio.vital@ifmg.edu.br

AT04: Outras áreas da citologia.

Introdução: *Volvox* L. (Volvocaceae) é composto por algas verdes, um gênero de organização colonial multicelular, que representa um marco na evolução e derivação envolvendo a multicelularidade em Volvocales. No Brasil, suas espécies são registradas em ambientes de água doce como lagos, lagoas e reservatórios, sendo *Volvox aureus* Ehrenberg mais comumente encontrada. Características citológicas derivadas de *Volvox* podem auxiliar na compreensão de aspectos evolutivos de Chlorophyceae. **Objetivo:** Esclarecer os aspectos citológicos de *Volvox*, com ênfase nos aspectos de organização celular, diferenciação e funções celulares específicas, correlacionadas com a evolução do grupo. **Metodologia:** Foi realizada uma revisão integrativa através de uma busca nas bases ScienceDirect e SciELO, utilizando os termos "volvox", "morfologia", "citologia" e "volvocaceae". Foram selecionados artigos relevantes que abordam os aspectos citológicos do gênero *Volvox*. **Resultados:** As colônias de *Volvox* são esféricas e formadas por milhares de células somáticas e germinativas organizadas em uma matriz gelatinosa. As células somáticas são biflageladas, responsáveis pelo movimento e fotossíntese, e dispostas na periferia da colônia. As células germinativas, localizadas internamente, são responsáveis pela reprodução, tanto sexuada quanto assexuada. As células somáticas e germinativas diferenciam-se em função e estrutura, com as somáticas apresentando maior quantidade de cloroplastos e as germinativas maiores em tamanho e menos diferenciadas. Recentemente, análises citológicas de duas espécies intimamente relacionadas, *Volvox reticuliferus* (heterotático autoincompatível, com macho e fêmea geneticamente diferentes) e *V. africanus* (homotático bissexual, com capacidade de fertilizar dentro de um clone), indicaram um estado de dioícia e monoícia rudimentar na linhagem das Viridiplantae. **Conclusões:** *Volvox* destaca a complexidade funcional em Volvocaceae. A diferenciação celular e a estrutura organizada das colônias são fundamentais para sua sobrevivência e reprodução, sendo a morfologia heterotática e homotática valiosas para a compreensão da evolução e diferenciação celular de Chlorophyceae.

Palavras-chave: Algas verdes. Evolução e diferenciação celular. Heterotático. Homotático. Volvocales.

Agradecimentos e financiamento:

Agradeço a professora e doutora Leticia Karina Povilauskas (Universidad Nacional de La Plata, Argentina) pelos ensinamentos na área de Ficologia.

INFLUÊNCIA DA VIA WNT CLÁSSICA NA TRANSIÇÃO EPITÉLIO MESENQUIMAL E ANGIOGÊNESE

Carlos Vinicius Expedito de Souza^{*1}; João Marcos Oliveira da Silva²; Hanna Karolina de Araujo Batistão³; Larissa Pereira Damasceno⁴; Vinicius Bernardo de Oliveira⁵; Angel Mauricio Castro Gamero⁶

¹Estudante de Graduação em Bacharel em Biotecnologia, Universidade Federal de Alfenas (UNIFAL), Alfenas - MG. Brasil; ²Mestre em Biociências Aplicadas à Saúde pela Universidade Federal de Alfenas (UNIFAL), Alfenas-MG, Brasil; ³Graduada em Bacharel em Ciências Biológicas, Universidade Federal de Alfenas (UNIFAL), Alfenas - MG. Brasil; ⁴Estudante de Graduação em Bacharel em Biotecnologia, Universidade Federal de Alfenas (UNIFAL), Alfenas - MG. Brasil; ⁵Estudante de Graduação em Bacharel em Ciências Biológicas, Universidade Federal de Alfenas (UNIFAL), Alfenas - MG. Brasil; ⁶Doutor em Genética pela Universidade de São Paulo (USP), Docente do Instituto de Ciências da Natureza (ICN), Laboratório de Genética Humana, Universidade Federal de Alfenas (UNIFAL), Alfenas-MG, Brasil

*Autor correspondente: souzacarlosex22@gmail.com

AT04: Outras áreas da citologia

A via clássica de sinalização WNT é crucial para a regulação da β -catenina, uma proteína vital para a proliferação celular. Alterações nesta via têm implicações na carcinogênese, afetando a adesão celular, e colaborando para a sobrevivência tumoral e posterior metastatização. Este estudo revisa e sintetiza descobertas recentes sobre os mecanismos moleculares mediados pela via WNT, com enfoque em sua dinâmica e seu impacto na carcinogênese, com enfoque na transição epitélio-mesenquimal (EMT) e a angiogênese. Em nossa revisão, observamos que a ativação da via WNT inibe a degradação da β -catenina, a qual atua regulando a adesão celular e promovendo a sobrevivência tumoral, mediante a formação de complexos com fatores de transcrição, como TCF/LEF1, ativando genes oncogênicos como c-Myc, CCND1 e Bcl-2. Ela ainda desempenha um papel crucial na EMT, ativando fatores como Snail, Slug e Twist, que promovem maior mobilidade e invasividade celular, e regula a atividade de metaloproteinases de matriz (MMPs), essenciais para a invasão tumoral. Além disso, a β -catenina aumenta a expressão de VEGF, essencial para a angiogênese tumoral, interagindo com a via hipóxêmica e TGF- β . A revisão dos mecanismos influenciados pela via WNT e β -catenina destaca sua importância na carcinogênese, abordando aspectos como proliferação celular, EMT, invasão e angiogênese. Esses conhecimentos são cruciais para entender a complexidade da tumorigênese e poderão contribuir para o desenvolvimento de novas estratégias terapêuticas e melhorias nos diagnósticos de câncer. Futuros estudos devem focar em explorar mais profundamente essas interações para identificar potenciais alvos terapêuticos e aprimorar as abordagens diagnósticas.

Palavras-chave: Angiogênese, transição epitélio mesenquimal, via WNT.

LESÕES CAUSADAS PELA TUBERCULOSE E SUAS REPERCUSSÕES BIOQUÍMICAS-TECIDUAIS PARA O TRATAMENTO MEDICAMENTOSO

Iago Prina Rocha^{1*}; Valdirene Leão Carneiro²; Luciana Santos Cardoso^{1*}

¹Instituto de Ciências da Saúde/Universidade Federal da Bahia/ Lattes; ²Departamento de Ciências da Vida/Universidade Estadual da Bahia/Lattes

*Autor correspondente: iagoprina@hotmail.com

AT04: Outras áreas da citologia.

Introdução: As lesões causadas pela Tuberculose consideradas fechadas, apresentam pH neutro ou ácido levando há um crescimento intermitente. As lesões podem levar um aumento da acidez devido a hipóxia e acúmulo de CO² e ácido lático, o que pode dificultar o crescimento bacilar. **Objetivo:** discutir as repercussões bioquímicas das lesões causadas por tuberculose para o tratamento. **Metodologia:** Trata-se de uma revisão da literatura. Para o levantamento dos artigos, foram consultadas as bases científicas eletrônicas: BVS; SciELO e PUBMED, utilizando-se dos descritores: “tuberculose”; “lesões teciduais”; “tratamento”, utilizou-se o operador booleano “AND” para o cruzamento dos descritores. Excluiu-se aqueles que não atenderam aos critérios de inclusão, que seriam idiomas português e inglês, recorte temporal de 2016 a 2024. **Resultados:** No interior dos macrófagos, os fármacos que tiverem afinidade por um pH ácido, irão agir melhor se difundindo no meio intracelular, como a Rifampicina (RF), a Pirazinamida (PZA) e o Etambutol (ETH). Nas situações onde ocorrerem lesões fechadas com um crescimento bacilar intermitente, a Isoniazida tem reposta mais lenta e demorada, neste caso a droga mais efetiva e de maior rapidez de ação é a Rifampicina. Em manifestações de Tuberculose nas paredes cavitárias, são boas a RF, a INH, neste tipo de situação a estreptomicina (SM), vai agir em pH neutro. O Etambutol tem sua ação bacteriostática após 24 horas da captação pelas micobactérias, provavelmente pela inibição da síntese da parede celular. A Pirazinamida é inativa em pH neutro, é eficaz contra os microrganismos intracelulares nos macrófagos porque, após a fagocitose, os microrganismos ficam contidos em fagolisossomos, onde o pH é baixo, levando possivelmente a inibição de ácidos graxos. **Conclusões:** Algumas lesões fechadas por cepa bacilar de crescimento lento ou intermitente, responde de maneira demorada a ação da droga, geralmente são bacilos intracelulares, conhecidos como bacilos persistentes, responsáveis pelas recidivas.

Palavras-chave: Fármaco. Lesão. Tuberculose.

Agradecimentos e financiamento

Agradecimentos aos sujeitos do IMUNOBIO que colaboram com as pesquisas, bem como aos auxílios recebidos da Fundação de Amparo a Pesquisa da Bahia (FAPESB) para a elaboração do trabalho, seja na forma de bolsa de estudo ou de financiamento de projeto de pesquisa.



II CONACIGEN
II Congresso Nacional de Citologia, Genética e
Biologia Molecular On-line

GENÉTICA MOLECULAR E HUMANA

AS PRINCIPAIS ENZIMAS ENVOLVIDAS NA REPLICAÇÃO DE DNA

Danilo Ferreira Campos¹

¹Ifope Educacional

*Autor correspondente: danilobanditt@gmail.com

AT05: Genética molecular e humana.

Introdução: A replicação do DNA permite que as células se dividam e se multipliquem, mantendo a integridade genética. Esse processo, complexo e altamente regulado, requer a ação coordenada de diversas enzimas. **Objetivo:** Compreender quais enzimas são importantes para o processo de replicação e suas respectivas funções. **Metodologia:** Foram pesquisados artigos em bases científicas como PubMed e PubVet. Utilizaram-se palavras-chave como "enzimas no processo de replicação" e "replicação genética". O período considerado foi de 2019 a 2024. **Resultados:** As enzimas iniciadoras são aquelas que reconhecem os replicons ao longo do DNA e se fixam neles, servindo como atrativo para a atividade das demais enzimas. As topoisomerases são um grupo de enzimas responsáveis por manter ou alterar a topologia ou estrutura original do DNA. A mais representativa dessas enzimas é a girase, que, durante a replicação, gira as fitas para a esquerda, promovendo seu posicionamento paralelo e reduzindo as forças de torção nas regiões ainda não desenroladas. A helicase rompe as ligações de hidrogênio, ou seja, abre o DNA para permitir a desnaturação. A proteína de ligação à fita simples é responsável pela estabilização da desnaturação até que a informação genética seja copiada. A polimerase, é diretamente responsável pela formação das novas fitas, utilizando nucleotídeos livres na forma monofosfatada e realizando a revisão e o reparo das informações incorretas, garantindo a fidelidade das moléculas filhas. A funcionalidade das polimerases ocorre no sentido 5' para 3', promovendo a renaturação, ou seja, o reestabelecimento das ligações fosfodiéster em toda a informação recuperada, garantindo a unificação de ambas as fitas filhas. **Conclusões:** Falhas em qualquer enzima envolvida na replicação podem resultar em mutações genéticas e potenciais disfunções celulares. A compreensão dessas enzimas é essencial para o avanço da biologia molecular e para o desenvolvimento de terapias direcionadas a doenças genéticas e cânceres.

Palavras-chave: Girase. Polimerase. Topoisomerase.

GENÉTICA HUMANA E IMPACTOS AMBIENTAIS

Carlos Eduardo Fortes Gonzalez^{1*}

Universidade Tecnológica Federal do Paraná

^{1*}Autor correspondente: cefortes@yahoo.com

AT05: Genética molecular e humana.

Introdução: A Genética humana, o estudo dos genes e hereditariedade em seres humanos, interage profundamente com o meio ambiente. Fatores ambientais podem influenciar a expressão genética, enquanto alterações genéticas podem determinar a forma como os indivíduos respondem a fatores ambientais. **Objetivo:** Revisar a literatura existente sobre a relação entre Genética humana e impactos ambientais, destacando como as interações gene e ambiente podem afetar a saúde humana. **Metodologia:** Foi realizada uma revisão bibliográfica abrangente utilizando bases de dados científicas como *PubMed*, *Scopus* e *Web of Science*. Os critérios de inclusão envolveram artigos publicados nos últimos 20 anos, focados na inter-relação entre Genética humana e fatores ambientais. Palavras-chave utilizadas incluíram "genética humana", "epigenética", "impactos ambientais" e "saúde ambiental". **Resultados:** Os estudos revisados demonstram que fatores ambientais como poluição, radiação e substâncias químicas podem causar modificações epigenéticas que alteram a expressão gênica sem modificar a sequência do DNA. Exemplos incluem a metilação do DNA e modificações das histonas, que têm sido associadas a doenças como câncer, diabetes e distúrbios neurodegenerativos. Além disso, variações genéticas podem influenciar a suscetibilidade dos indivíduos aos impactos ambientais. Polimorfismos genéticos, como aqueles encontrados nos genes de reparo do DNA, podem determinar a capacidade de um indivíduo de resistir a danos causados por agentes ambientais. **Conclusões:** A interação entre genética humana e fatores ambientais é complexa e bidirecional. O ambiente pode influenciar a expressão gênica e, por sua vez, a Genética pode determinar a resposta aos fatores ambientais. Compreender essas interações é fundamental para o desenvolvimento de estratégias de prevenção e tratamento de doenças relacionadas ao ambiente.

Palavras-chave: Epigenética. Genética Ambiental. Genética humana.

HERANÇA MATERNA DE ANORMALIDADES EM MITOCÔNDRIAS E RETÍCULO ENDOPLASMÁTICO

Julio Cesar Valerio Roncato^{1*}, Angélica Camargo dos Santos¹, Jaiane Santana da Paz¹, Lindomar de Oliveira Alves¹, Renan Omete Ferreira¹, Victória Cristina Cardoso da Paixão Hass Gonçalves¹, Marcos Roberto Chiaratti¹

¹Universidade Federal de São Carlos (Departamento de Genética e Evolução, Centro de Ciências Biológicas e da Saúde)

^{1*}Autor correspondente: julioroncato@outlook.com

AT05: Genética molecular e humana.

Introdução: Estudos indicam que a obesidade materna pode predispor a prole a síndromes metabólicas, muitas vezes associadas a disfunções mitocondriais e do retículo endoplasmático (ER) nos oócitos. A mitofusina 2 (MFN2) é um regulador chave no metabolismo mitocondrial e na sinalização da insulina. Anteriormente mostramos que o nocaute específico de Mfn2 nos oócitos (KO) resulta em contatos anormais entre mitocôndrias e ER, além de disfunção nesses organelas, afetando a prole com intolerância à glicose e sinalização insulínica prejudicada. **Objetivo:** Propomos investigar o impacto da obesidade materna e deleção oócito-específica da MFN2 sobre as mitocôndrias e o ER no músculo esquelético da progênie. **Metodologia:** Fêmeas de seis semanas, heterozigotas (Mfn2^{+/-}) ou homozigotas (Mfn2^{-/-}) para Mfn2 nos oócitos, foram alimentadas por 12 semanas com dieta normal (NFD) ou rica em gordura (HFD) e acasaladas com machos selvagens (Mfn^{+/+}). Apenas a prole heterozigota (Mfn2^{+/-}) foi analisada. O músculo gastrocnêmio dos filhotes foi examinado por microscopia eletrônica de transmissão e por sequenciamento de RNA. Grupos foram comparados usando ANOVA com teste post hoc de Tukey, teste t-Student ou Wilcoxon (P<0,05). Para dados transcriptômicos, P ajustado (FDR) <0,1 foi considerado significativo. **Resultados:** Filhotes de 10 semanas de mães Mfn2^{-/-} HFD apresentaram maior ganho de peso (P<0,01) e intolerância à glicose (P<0,01) em comparação aos filhotes de mães Mfn2^{+/-} HFD. Curiosamente, essas diferenças não foram observadas em filhotes de mães em NFD. A análise de RNA-seq mostrou genes diferencialmente expressos (DEGs) no músculo de filhotes Mfn2^{-/-}, comparados ao Mfn2^{+/-}, com alterações em vias de sinalização da insulina, termogênese e fosforilação oxidativa. A análise MitoCarta 3.0 indicou alteração em genes mitocondriais. **Conclusões:** Esses resultados indicam que o uso de HFD exacerba os efeitos da deficiência da Mfn2 sobre a progênie, resultando em maior ganho de peso e fenótipo compatível com resistência à insulina.

Palavras-chave: Gastrocnêmio. Mfn2. Obesidade. Oócitos. Reprodução. Transcriptoma.

Agradecimentos e financiamento (Opcional)

FAPESP 2020/15412-6 e 2022/11964-0

NANOTECNOLOGIA APLICADA A SAÚDE: PREVENÇÃO E DIAGNÓSTICO DE DOENÇAS PATOGENICAS INFECCIOSAS

Bruno de Lucas Barros da Silva¹; Artemis Socorro do Nascimento Rodrigues²; Luciana Sampaio Lima³

¹Universidade Federal do Amapá/UNIFAP; ²Universidade Federal do Amapá/UNIFAP; ³Universidade Federal do Amapá/UNIFAP;

*Autor correspondente: brunodelucas44@gmail.com

AT05: Genética molecular e humana

Introdução: A evolução de agentes patogênicos vem sendo recorrente na atualidade, com base nisso a nanotecnologia pode ser uma alternativa para novos mecanismos de diagnóstico e prevenção dessas doenças. A nanotecnologia envolve a fabricação de materiais em nanoescala que possuem propriedades físico-químicas diferenciadas e que estão presente na indústria e na medicina. Embora a nanociência seja tecnicamente complexa, ela pode ser eficiente para prevenção de doenças infecciosas. **Objetivo:** Apresentar a nanotecnologia como ferramenta para prevenção e diagnóstico de doenças infecciosas descrevendo exemplos de doenças infecciosas clínicas atuais. **Metodologia:** Foi realizado uma pesquisa bibliográfica, que proporcionou a eficiência do estudo. A pesquisa foi aprofundada através da análise de artigos indexados em bases de dados como PubMed e Scielo, abrangendo o período de 2021 a 2024, utilizando descritores como: Nanotecnologia, doenças infecciosas, tratamento de doenças infecciosas. **Resultados:** Os recentes estudos na nanotecnologia permitem abordar aspectos que favorecem o diagnóstico e tratamento de doenças, como da leishmaniose, malária e tripanossomíase que podem ser tratadas com o uso na nanotecnologia. As nanopartículas são usadas para encapsular agentes terapêuticos e entregá-los a um alvo específico o que permite a proteção do medicamento, aumenta as respostas imunológicas para vacinação e a eficácia do medicamentos para tratamento. Para o diagnóstico, estas nanopartículas servem como nanobiossensores para a detecção precoce e tratamento destas doenças, o que corroborar com o bem-estar do paciente. Por isso, as nanopartículas fluorescentes recentemente desenvolvidas apresentam uma alta taxa de sensibilidade em que uma única nanopartícula é capaz de emitir um sinal forte o suficiente para ser capturada, permitindo assim a identificação precoce de infecções. **Conclusões:** Por fim, a nanotecnologia pode ser aplicada de várias formas como modulação da resposta imune, distribuição de medicamentos e diagnóstico, que são especialmente necessárias para tratamentos de doenças.

Palavras-chave: Infecção. Nanodiagnóstico. Saúde pública. Tratamento.

O PAPEL DA DIVERSIDADE DE TLS DNA POLIMERASES HUMANAS PARA O DESENVOLVIMENTO DE NEOPLASIAS

Bruno de Lucas Barros da Silva¹; Artemis Socorro do Nascimento Rodrigues²; Luciana Sampaio Lima³

Graduado em Ciências Biológicas pela Universidade Federal do Amapá (UNIFAP). Vinculado ao laboratório de Biologia molecular e biotecnologia da Universidade Federal do Amapá (UNIFAP), Macapá, Amapá, Brasil; 2Doutora em Clínica Médica na área de Ciências Básicas pela Universidade Estadual de Campinas. Professora Associada nível III com dedicação exclusiva da Universidade Federal do Amapá-UNIFAP, Macapá, Amapá, Brasil; 3Doutora em Biologia Parasitária na Amazônia pela Universidade do Estado do Pará. Técnica em laboratório da Universidade Federal do Amapá, Macapá, Amapá, Brasil;

*Autor correspondente: brunodelucas44@gmail.com

AT05: Genética molecular e humana.

As TLS-DNA Polimerases especializadas em realizar a Síntese Translesão de DNA (TLS, do inglês Translesion Synthesis) podem realizar um mecanismo de tolerância a danos no DNA propenso a erros. A TLS permite que as células prossigam com a replicação mesmo na presença de distorções na fita molde do DNA. Essas lesões, quando não processadas, podem ser acumuladas no DNA e promover o estresse replicativo (ER). O ER pode atuar por vias de tolerância a danos no DNA, que estão envolvidas no aumento das taxas de mutações, que podem favorecer o surgimento e adaptação de neoplasias. O objetivo do artigo de pesquisa é verificar e descrever se existe uma associação entre as mutações e polimorfismos nas sequências das TLS-DNA polimerases e a predisposição e o desenvolvimento de câncer. Dessa forma, será investigado nesse estudo se a perda de função das TLS-DNA polimerases está envolvida no desenvolvimento ou proteção de pacientes oncológicos. Esse estudo é baseado em uma pesquisa bibliográfica, com a abordagem qualitativa. Espera-se estabelecer se existe um padrão de prevalência de aumento de mutações e polimorfismos em pacientes que desenvolvem câncer, como consequência do acúmulo do estresse replicativo que não é processado por estas polimerases que perderam a função por conta da mutação.

Palavras-chave: Estresse replicativo. Câncer. TLS. Síntese de Translesão. Saúde pública. Mutações.

PROCESSO DE REPLICAÇÃO DO DNA: ETAPAS E IMPORTÂNCIA

Danilo Ferreira Campos¹

¹Ifope Educacional

*Autor correspondente: danilobanditt@gmail.com

AT05: Genética molecular e humana.

Introdução: A replicação é o processo pelo qual o DNA é duplicado para gerar cópias idênticas de seu material genético antes da divisão celular, garantindo que cada nova célula receba um conjunto idêntico de genes. **Objetivo:** Destacar a relevância da replicação, explicando o processo, a sequência e a finalidade desse fenômeno. **Metodologia:** Foram pesquisados artigos em bases científicas, como Science Direct e PubMed. Utilizaram-se palavras-chave como "replicação" e "processo de replicação". O período considerado foi de 2022 a 2024. **Resultados:** A replicação envolve a formação, por polimerização, de duas novas fitas no sentido 5' para 3': uma denominada fita líder, que é mais rápida e contínua, iniciando-se a partir de um único primer sintetizado pela primase e depois substituído pela inserção tradicional de desoxirribonucleotídeos pela enzima DNA polimerase III; e outra, no molde oposto, formando a fita tardia, que é mais lenta e descontínua, pois precisa esperar as sucessivas desnaturações do molde. Cada fragmento da fita tardia é iniciado por um novo primer e é seguido pelos fragmentos de Okazaki. Todo o processo de construção das fitas filhas corresponde à segunda etapa da replicação, denominada extensão, uma vez que a iniciação se caracteriza pelo reconhecimento e replicação dos replicons. A replicação é complementada por um processo de releitura executado pelas enzimas corretivas: a DNA polimerase I, que identifica o primer e substitui seus nucleotídeos de RNA por semelhantes de DNA; a DNA polimerase II, que identifica e corrige pareamentos errôneos com uma eficiência de 99,99%; e a ligase, responsável pelo restabelecimento das ligações fosfodiéster em toda a informação recuperada, garantindo a unificação das fitas filhas. **Conclusões:** A replicação do DNA é essencial para a preservação e transmissão da informação genética. A precisão na replicação é crucial para a manutenção da integridade genética e para a prevenção de mutações.

Palavras-chave: Genes. Nucleotídeos. Polimerase.



II CONACIGEN
II Congresso Nacional de Citologia, Genética e
Biologia Molecular On-line

GENÉTICA CLÍNICA E DIAGNÓSTICO DE DOENÇAS GENÉTICAS

TRIAGEM NEONATAL: A IMPORTÂNCIA DO TESTE GENÉTICO NA IDENTIFICAÇÃO PRECOCE DE DOENÇAS

Marina Vitória Santos Souza*¹; Karen Rayanne dos Santos Lima Nascimento¹

¹Centro Universitário Cesmac

*Autor correspondente: marinavitoria1508@hotmail.com

AT06: Genética clínica e diagnóstico de doenças genéticas.

Introdução: A triagem neonatal é um processo que visa a identificação precoce de doenças genéticas e metabólicas em recém-nascidos. O teste genético desempenha um papel de extrema importância nesse contexto, permitindo a detecção de condições que podem não apresentar sintomas que sejam visíveis imediatamente após o nascimento, mas que, caso não sejam tratadas, podem levar a complicações sérias ou até mesmo à morte. Esse teste vai muito além de fazer exames para verificar substâncias no sangue dos neonatos. É um sistema que garante que cada resultado de teste esteja com resultado fidedigno a cada bebê específico. Se for necessário, o bebê irá realizar um teste mais detalhado e, caso seja identificado algum problema, receberá o tratamento adequado. **Objetivo:** Avaliar a relevância da triagem neonatal e do teste genético na detecção precoce de doenças, destacando como esses processos podem melhorar o diagnóstico, o tratamento e a qualidade de vida dos recém-nascidos. **Metodologia:** Revisão de literatura, realizada no mês de setembro de 2024, com filtro de busca de 2019 a 2024, utilizando o booleano “and”. A busca foi realizada nas bases de dados Scielo e Pubmed, utilizando os descritores “Neonatal screening”, “Genetics” e “Illnesses”. **Resultados:** Obtiveram-se 21 artigos, destes, 3 foram selecionados para o estudo, pois atendiam às questões norteadoras da pesquisa: O teste genético através da triagem neonatal é realmente importante para a identificação precoce de doenças? **Conclusões:** A triagem neonatal, de acordo com as orientações do Ministério da Saúde, é primordial para identificar as seguintes doenças: Fenilcetonúria, hipotireoidismo congênito, fibrose cística, hemoglobinopatias e acidemias orgânicas. A identificação precoce dessas condições dá a oportunidade de intervenções rápidas, sendo um investimento vital, evitando assim complicações e promovendo um bom desenvolvimento. Desse modo, contribui para um futuro mais saudável e promissor.

Palavras-chave: Genética. Neonatos. Tratamento.



II CONACIGEN
II Congresso Nacional de Citologia, Genética e
Biologia Molecular On-line

GENÉTICA POPULACIONAL E EVOLUTIVA

ABORDAGENS GENÉTICAS: UMA REVISÃO DE LITERATURA SOBRE ANOMALIAS DO DESENVOLVIMENTO SEXUAL

Robert Sousa Lima^{1*}; Claudemir Antonio Garcia Fioratti¹

¹Faculdade de Ciências Biológicas e Ambientais, Universidade Federal da Grande Dourados, Dourados-MS, Brasil

*Autor correspondente: robtsousa@hotmail.com

AT07: Genética populacional e evolutiva

Introdução: Os hermafroditas verdadeiros são indivíduos que possuem gônadas de ambos os sexos, já os pseudo-hermafroditas são indivíduos com gônadas de um sexo com ductos genitais e/ou genitália externa do outro sexo. A maioria dos hermafroditas verdadeiros recebem diagnóstico quando buscam especialistas para tratar problemas relacionados com ginecomastia ou menstruação. **Objetivo:** Realizar uma revisão de literatura sobre hermafroditismo, genes relacionados e alterações cromossômicas. **Metodologia:** As buscas foram realizadas nas bases de periódicos científicos: SciELO, PubMed e Periódicos CAPES para estudos científicos publicados entre os anos de 2000 a 2024. As buscas foram feitas através das Palavras-chaves: “Hermafroditismo”, “Intersexual”, “Gônadas”, nos idiomas Português e Inglês. Foram selecionados 5 artigos para a construção da revisão de literatura. **Resultados:** Apesar de serem relativamente raras na população e pouco comuns na prática diária dos pediatras, as Anomalias do Desenvolvimento Sexual (ADS) com Ambiguidade Genital (AG) requerem um diagnóstico precoce e preciso. Atenção médica adequada é fundamental para o prognóstico e planejamento terapêutico. No desenvolvimento embrionário, a diferenciação das gônadas em ovários ou testículos é influenciada por genes e hormônios. Nos primeiros meses o embrião humano é um organismo bissexual, sendo sexualmente neutro, representado por gônadas indiferenciadas, primórdios dos ductos genitais internos e rudimentos genitais externos. Geneticamente o embrião 46, XY ou 46, XX, resultará na formação de testículos ou ovários. Sendo o cromossomo Y um determinante da masculinidade. Isso pode ocorrer geneticamente devido ao mosaïcismo ou quimerismo, onde células com diferentes composições genéticas coexistem no mesmo indivíduo. Mutações em genes importantes como SRY ou SOX9, ou anomalias cromossômicas, como o cariótipo 46, XX/46, XY, também podem resultar no desenvolvimento de gônadas mistas. **Conclusões:** A tendência metodológica deveria orientar-se para estudos possibilitando a análise de variáveis abordadas em estudos que não estejam limitados a comportamentos estereotipados e preconizados, sendo necessário estudos longitudinais, centrados na qualidade de vida desses indivíduos.

Palavras-chave: Cromossomo. Genes. Intersexual. Sexo. SRY

CRUZAMENTO TESTE: ENTENDENDO O BÁSICO DOS TESTES E SUAS APLICAÇÕES

Danilo Ferreira Campos¹

¹Ifope Educacional

*Autor correspondente: danilobanditt@gmail.com

AT07: Genética populacional e evolutiva.

Introdução: O cruzamento teste é uma técnica empregada na genética para investigar a herança de características específicas e melhorar a eficiência de programas de melhoramento genético. Esta abordagem é útil para entender a influência de variantes genéticas sobre características fenotípicas e para avaliar o potencial de transmissão de genes de pais para filhotes. **Objetivo:** Compreender e determinar se o genótipo do indivíduo desconhecido carrega um ou mais alelos específicos associados a uma característica observada. **Metodologia:** Priorizou-se a procura por artigos científicos do tipo "revisão sistemática", publicados na base de dados da PubMed e Google Acadêmico, com o intuito de identificar e analisar as publicações veiculadas a cruzamento teste, o período considerado foi de 2018 a 2024. **Resultados:** Condição muito utilizada quando estamos diante de uma característica sabidamente dominante, mas desconhecemos se o genótipo do animal é homocigoto ou heterocigoto. Para assegurarmos tal análise, basta cruzarmos o probando com um indivíduo reconhecidamente recessivo e analisar o fenótipo da prole. Caso ocorra um nascimento de um filhote recessivo obrigatoriamente o probando é heterocigoto já que os alelos encontrados nos genótipos provêm um de cada dos parentais. Se não ocorrer a formação de filhotes recessivos, deve-se fazer novos cruzamentos e se em nenhum ocorrer nascimento de filhotes recessivos, o probando será homocigoto dominante. Ao realizar um cruzamento teste, os geneticistas podem observar os padrões de herança nos descendentes e assim inferir a composição genética do progenitor com genótipo desconhecido. Essa técnica é particularmente útil para identificar a presença de alelos recessivos, verificar a pureza de uma linhagem ou entender melhor a relação entre genes e características fenotípicas. **Conclusões:** O cruzamento teste é uma ferramenta valiosa para descrever e entender a base genética de características observáveis, facilitando o estudo da herança genética e contribuindo para o avanço do conhecimento na área da genética.

Palavras-chave: Genética. Dominante. Recessivo.

SUBCOMPLEXO *Triatoma costalimai* (HEMIPTERA, TRIATOMINAE): NOVA ORGANIZAÇÃO PROPOSTA COM BASE EM ESTUDOS FILOGENÉTICOS E COMPORTAMENTAIS

Isabella da Silva Masarin^{1*}; Jader de Oliveira²; Cleber Galvão³; Kaio Cesar Chaboli Alevi^{1,2,3}

¹ Universidade Estadual Paulista (UNESP), Instituto de Biociências Letras e Ciências Exatas, São José do Rio Preto, SP, Brasil. ² Universidade de São Paulo (USP), Faculdade de Saúde Pública, São Paulo, SP, Brasil. ³ Fundação Oswaldo Cruz (FIOCRUZ), Instituto Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro, RJ, Brasil.

*Autor correspondente: isabella.masarin@unesp.br

AT07: Genética populacional e evolutiva

Introdução: O gênero *Triatoma* é parafilético e, com base no número de táxons e, principalmente, na sua importância epidemiológica, as espécies desse gênero foram organizadas em complexos e subcomplexos. O subcomplexo *T. pseudomaculata* é composto pelas espécies *T. arthurneivai*, *T. pseudomaculata* e *T. nygodzinskyi* (provenientes do antigo subcomplexo *T. maculata*) e *T. baratai*, *T. costalimai*, *T. deaneorum*, *T. jatai* e *T. williami* (provenientes do subcomplexo *T. matogrossensis*). Esse agrupamento foi proposto por dados cromossômicos – embora estudos evolutivos já haviam evidenciado a relação entre algumas dessas espécies. Além dos estudos filogenéticos, a realização de cruzamentos e análise da compatibilidade reprodutiva interespecíficos em subcomplexos não monofiléticos (como o subcomplexo *T. pseudomaculata*) mostram-se de grande importância sistemática. Cruzamentos realizados entre *T. pseudomaculata* e *T. nygodzinskyi* demonstraram que existe compatibilidade genética entre as espécies, uma vez que híbridos foram produzidos. **Objetivo:** Analisar se *T. pseudomaculata* e *T. costalimai* apresentam compatibilidade genética/reprodutiva e avaliar a relação filogenética das espécies do subcomplexo *T. pseudomaculata*. **Metodologia:** Foram realizados cruzamentos experimentais entre *T. pseudomaculata* e *T. costalimai*, a fim de avaliar a capacidade de produção de híbridos. Além disso, estudos filogenéticos por inferência bayesiana foram realizados, a partir de sete marcadores moleculares disponíveis no GenBank (*Cytb*, *16S*, *18S*, *28S*, *COI*, *COII* e *ITS2*). **Resultados:** Os cruzamentos experimentais não resultaram em híbridos, demonstrando presença de isolamento reprodutivo pré-zigótica entre as espécies. Ainda, a filogenia obtida demonstrou que as espécies *T. costalimai* e *T. jatai* não apresentam relação filogenética com as demais espécies do subcomplexo *T. pseudomaculata*. **Conclusões:** Com base na incompatibilidade reprodutiva e nas análises filogenéticas, confirmou-se que *T. costalimai* não pertence ao subcomplexo *T. pseudomaculata*. Dessa forma, sugerimos a criação de um novo subcomplexo intitulado *T. costalimai*, incluindo as espécies irmãs *T. costalimai* e *T. jatai*.

Palavras-chave: Biologia Molecular. Cruzamentos experimentais. Doença de Chagas. Híbridos.

Agradecimentos e financiamento

Agradecimentos a FAPESP, CAPES, CNPq e FAPERJ pelo apoio financeiro.



II CONACIGEN
II Congresso Nacional de Citologia, Genética e
Biologia Molecular On-line

OUTRAS ÁREAS DA GENÉTICA

ABORDAGENS INOVADORAS: TERAPIA CAR-T NO COMBATE À LEUCEMIA

Marina Vitória Santos Souza¹; Ríllary Islane Alves Pereira²

¹Centro Universitário Cesmac; ²Universidade Federal de Alagoas

*Autor correspondente: marinavitoria1508@hotmail.com

AT08: Outras áreas da genética.

Introdução: A terapia CAR-T, que envolve células T com receptor de antígeno quimérico, surgiu como uma inovação significativa no tratamento do câncer, aproveitando o poder do sistema imunológico para lutar contra as doenças malignas. Representa uma nova era na oncologia, destacando a importância da imunoterapia no combate ao câncer. A terapia consiste em retirar células T do sangue do paciente, modificar geneticamente essas células para que reconheçam e ataquem células cancerígenas específicas, depois reinseri-las no corpo do paciente. Com isso, é possível que as células T que foram alteradas localize e exclua as células cancerígenas, tendo uma abordagem estratégica para o tratamento da doença.

Objetivo: Abordar a eficácia da utilização da terapia CAR-T para o tratamento de leucemia. Metodologia: Revisão de literatura, realizada no mês de setembro de 2024, com filtro de busca de 2019 a 2024, utilizando o booleano “and”. A busca foi realizada nas bases de dados BVS e Pubmed, utilizando os descritores “CAR-T cells”, “leukemia”, “treatment” e “therapy”. **Resultados:** Obtiveram-se 26 artigos, destes, 4 foram selecionados para o estudo, pois atendiam às questões norteadoras da pesquisa: Qual a importância da terapia CAR-T no tratamento da leucemia? **Conclusões:** A terapia com células CART - T mostrou resultados esplêndido em certos grupos de pacientes com malignidades hematológicas, estabelecendo as células CAR - T como um importante avanço na imunoterapia do câncer. Esses resultados evidenciam a capacidade da terapia CAR-T no tratamento da leucemia, dando esperanças para pacientes que não responderam a tratamentos padronizados. Em algumas malignidades hematológicas, as taxas de resposta continuam baixas e os pacientes ainda sofrem recaídas. Mas, foi observado foi a persistência das células CAR-T no organismo dos pacientes, que podem permanecer ativas por longos períodos, proporcionando uma proteção adicional contra recaídas.

Palavras-chave: Células - T. Câncer. Imunoterapia.

ANÁLISES MOLECULARES PARA IDENTIFICAÇÃO DE ESPÉCIES DE PEPINOS-DO-MAR (ECHINODERMATA, HOLOTHUROIDEA) EXPLORADAS E COMERCIALIZADAS ILEGALMENTE NO BRASIL

Auany Camila Fantinelli¹, Natália dos Santos¹, Carlos Egberto Rodrigues Junior², Fabio Porto-Foresti¹, Ricardo Utsunomia¹

¹UNESP - Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Câmpus Bauru-SP, Faculdade de Ciências, Ciências Biológicas; ² IBAMA - Instituto Brasileiro do Meio Ambiente e dos Recursos Naturais Renováveis

*Autor correspondente: ac.fantinelli@unesp.br

AT08: Outras áreas da genética

Introdução: Os pepinos-do-mar são equinodermos pertencentes à classe Holothuroidea e que com seus hábitos detritívoros contribuem significativamente para a reciclagem e distribuição de nutrientes nos oceanos. Em regiões como a Ásia, são comumente consumidos e, apesar do consumo limitado no Brasil, a pesca para exportação tem aumentado nos últimos anos, devido à regulamentação e fiscalização insuficientes. Em 2023, o IBAMA apreendeu múltiplos exemplares secos de pepino-do-mar no Aeroporto Internacional de São Paulo (Guarulhos). **Objetivos:** Averiguar quantas e quais espécies estão sendo exploradas ilegalmente a partir do aeroporto de Guarulhos e se elas são ou não nativas da costa brasileira. **Metodologia:** Para identificar as espécies exportadas, utilizamos a técnica de DNA *barcoding*. O DNA genômico foi extraído dos espécimes secos, e o gene da citocromo oxidase I (COI) foi amplificado utilizando *primers* específicos para Holothuroidea. O sequenciamento subsequente e as análises bioinformáticas produziram sequências para cada indivíduo, que foram então comparadas com os bancos de dados “BOLD System” e “NCBI” para identificação. **Resultados:** Até o momento, das nove amostras identificadas, cinco pertencem ao gênero *Holothuria* e quatro à espécie *Isostichopus badionotus*. A discrepância na precisão da identificação em nível de gênero pode ser atribuída à ausência do gene COI para *Holothuria grisea*, uma espécie abundante ao longo da costa brasileira, nos banco de dados. **Conclusões:** Este estudo destaca a importância do emprego de ferramentas genéticas, como o DNA *barcode*, para combater o comércio ilegal de vida selvagem e promover esforços de conservação. Ao identificar as espécies exportadas ilegalmente, podemos compreender melhor a extensão do problema e tomar medidas específicas para proteger as populações vulneráveis. Além disso, nossas descobertas destacam a necessidade de bancos de dados genéticos abrangentes que incluam dados de todas as espécies relevantes, como *Holothuria grisea*, para melhorar a precisão da identificação das espécies.

Palavras-chave: Comércio ilegal. DNA *barcode*. Pepinos-do-mar.

Agradecimentos e Financiamento

Agradeço à FAPESP, à CAPES e ao CNPq.

GENES DE RESISTÊNCIA DO *Mycobacterium tuberculosis* À ISONIAZIDA

Iago Prina Rocha¹; Valdirene Leão Carneiro²; Louise Correia de Lima¹; Emile Ivana Fernandes Santos Costa¹

¹Instituto de Ciências da Saúde/Universidade Federal da Bahia; ²Departamento de Ciências da Vida/Universidade Estadual da Bahia/Lattes

Autor correspondente: iagoprina@hotmail.com

AT08: Outras áreas da genética.

Introdução: A resistência aos medicamentos anti-TB deve-se principalmente a alterações em genes que codificam alvos de antibióticos. Outra via comum de resistência ocorre pela aquisição de material genético exógeno anteriormente presente em outros microrganismos que contenham genes de resistência que são propagados. Alterações nas proteínas bacterianas podem reduzir a concentração do fármaco no meio intracelular por evitar sua captação para o interior da célula. **Objetivo:** discutir o gene KatG do *Mycobacterium Tuberculosis* e seu papel no mecanismo de resistência à Isoniazida. **Metodologia:** Trata-se de uma revisão da literatura. Para o levantamento dos artigos, foram consultadas as bases científicas eletrônicas: BVS; SciELO e PUBMED, utilizando-se dos descritores: “gene”; “resistência”; “*mycobacterium tuberculosis*”; “isoniazida”, utilizou-se o operador booleano “AND” para o cruzamento dos descritores. Excluiu-se aqueles que não atenderam aos critérios de inclusão, que seriam idiomas português e inglês, recorte temporal de 2016 a 2024. **Resultados:** As configurações genéticas podem favorecer o desenvolvimento das bactérias reduzindo a competição por espaço e nutrientes no meio com as células bacterianas que não possuem mecanismos de resistência. O Isoniazida (INH) é um pró-fármaco ativado pela enzima catalase-peroxidase (KatG), que é codificada pelo gene katG. As possíveis mutações que ocorrem no gene KatG restringem ou excluem a habilidade de ativar a Isoniazida. Este gene encontra-se posicionado em uma região muito variável do genoma, o que pode ser a causa da instabilidade na região podendo favorecer as frequentes mutações no KatG em linhagens resistentes a INH. A Isoniazida interfere na formação do ácido gama-aminobutírico (GABA), no ciclo de Krebs, durante a construção das proteínas, seja na formação do DNA como do RNA. **Conclusões:** As mutações genéticas podem levar resistência não só por meio da interferência direta na ligação do fármaco, mas também por meio de mecanismos alostéricos que podem surgir em um local diferente de ligação do medicamento.

Palavras-chave: Gene. Isoniazida. Resistência.

Agradecimentos e financiamento

Agradecimentos aos sujeitos do IMUNOBIO que colaboram com a pesquisa, bem como aos auxílios recebidos da Fundação de Amparo a Pesquisa da Bahia (FAPESB) para a elaboração do trabalho, seja na forma de bolsa de estudo ou de financiamento de projeto de pesquisa.

GENES DE RESISTÊNCIA DO *Mycobacterium tuberculosis* À RIFAMPICINA

Iago Prina Rocha^{1*}; Valdirene Leão Carneiro²

¹Instituto de Ciências da Saúde/Universidade Federal da Bahia/ Lattes; ²Departamento de Ciências da Vida/Universidade Estadual da Bahia/Lattes; 3

^{1*}Autor correspondente: iagoprina@hotmail.com

AT08: Outras áreas da genética.

Introdução: A resistência bacteriana aos antibióticos pode ocorrer por meio de uma característica intrínseca de algumas espécies de cepas que podem resistir à ação de um dado antibiótico como resultado de uma característica estrutural ou funcional inerente aquela espécie; pode ser adquirida como resultado de mutações que ocorrem durante a replicação celular ou serem induzidas por intermédio de agentes mutagênicos. **Objetivo:** discutir o gene *rpoB* do *Mycobacterium Tuberculosis* e seu papel no mecanismo de resistência à Rifampicina. **Metodologia:** Trata-se de uma revisão da literatura. Para o levantamento dos artigos, foram consultadas as bases científicas eletrônicas: BVS; SciELO e PUBMED, utilizando-se dos descritores: “gene”; “resistência”; “*mycobacterium tuberculosis*”; “rifampicina”, utilizou-se o operador booleano “AND” para o cruzamento dos descritores. Excluiu-se aqueles que não atenderam aos critérios de inclusão, que seriam idiomas português e inglês, recorte temporal de 2016 a 2024. **Resultados:** A resistência a determinados fármacos pode estar relacionada à presença de mutações em genes responsáveis por codificar proteínas das células. A Rifampicina (RMP) é classificada como um fármaco lipofílico, derivado semi-sintético considerado altamente efetivo contra *M. tuberculosis*, pois além de apresentar efeito bactericida sobre as células metabolicamente ativas, também possui ação esterilizante eliminando os bacilos que se encontram em estado de latência. A resistência a Rifampicina pode ocorrer por meio de alterações das estruturais do RNA polimerase e mutações na expressão do gene *rpoB*. Os *M. tuberculosis* obtêm resistência a RMP por mutações em uma região central de cerca de 81 pares de base abrangendo os códons 507-533 do gene *rpoB*. **Conclusões:** As mutações genéticas podem ocorrer alterações que impeçam a interação de um fármaco com seu receptor ou que prejudiquem a expressão do receptor celular, por desvio de sua necessidade metabólica. Logo, a resistência aos medicamentos anti-TB acontece principalmente devido as alterações em genes que codificam alvos de antibióticos.

Palavras-chave: Gene. Resistência. Rifampicina.

Agradecimentos e financiamento

Agradecimentos aos sujeitos do IMUNOBIO que colaboram com a pesquisa, bem como aos auxílios recebidos da Fundação de Amparo a Pesquisa da Bahia (FAPESB) para a elaboração do trabalho, seja na forma de bolsa de estudo ou de financiamento de projeto de pesquisa.

MÉTODOS DE MELHORAMENTO GENÉTICO UTILIZADOS NA AGRICULTURA

Alberto dos Reis Fialho^{1*}; Alexsander Silva Alves¹; Arthur Aquino Chagas¹; Jorge Guilherme Costa Pecegueiro¹; José Sotero da Costa Neto¹; Veronica Carolina Matne Velasco¹

¹Estudante de Graduação em Bacharelado em Agronomia, Universidade Federal de Mato Grosso (UFMT), Cuiabá-MT, Brasil

^{1*}Autor correspondente: albertoreisfi@gmail.com

AT08: Outras áreas da genética.

Este capítulo objetiva esclarecer a problemática que permeia a seleção do método mais eficiente para melhoramento genético, apresentando os principais métodos utilizados na agricultura brasileira: seleção massal, método *bulk* e método genealógico. A metodologia adotada consiste em uma revisão de literatura de produções acadêmico-científicas publicadas entre o período de 1980 a 2022. Os dados obtidos permitem extrair que a aplicabilidade de cada método dependerá do objetivo específico da seleção e das condições do ambiente de cultivo. A seleção massal, caracterizada por seu custo financeiro reduzido e demanda mínima de mão de obra, proporciona uma contribuição significativa para o processo de seleção natural. De maneira similar, o método *bulk* se destaca por seu custo financeiro acessível e pela baixa exigência de trabalho manual, embora não elimine totalmente os tipos genéticos menos desejáveis. Em contrapartida, o método genealógico, embora economicamente oneroso e lento, promove um aprimoramento mais sofisticado e refinado no processo de seleção genética. Dessa forma, os resultados alcançados permitem concluir que cada método possui vantagens e desvantagens específicas, de modo que a escolha da técnica mais adequada dependerá do contexto genético e dos objetivos pretendidos no programa de melhoramento.

Palavras-chave: Agricultura brasileira. Método *bulk*. Método genealógico. Seleção genética. Seleção massal.

O POTENCIAL DA TERAPIA COM CÉLULAS CART-T NO MIELOMA MÚLTIPLO

Karen Rayanne dos Santos Lima do Nascimento^{1*}; Marina Vitória Santos Souza¹

¹ Centro Universitário Cesmac

*Autor correspondente: karen-rayanne@hotmail.com

AT08: Outras áreas da genética.

Introdução: A terapia com células CAR-T (células T com receptor de antígeno quimérico) tem se mostrado uma abordagem promissora no tratamento do mieloma múltiplo, um câncer hematológico caracterizado pela proliferação de plasmócitos anômalos. Esta abordagem envolve a modificação genética das células T do próprio paciente para que reconheçam e ataquem células tumorais específicas, particularmente aquelas que expressam antígenos como CD19 e BCMA (B-cell maturation antigen). Os ensaios clínicos demonstraram que a terapia CAR-T pode induzir remissões profundas e significativas em pacientes que não respondem a terapias convencionais, como quimioterapia e transplante de medula óssea. No entanto, a terapia não está isenta de riscos, incluindo efeitos colaterais graves, como síndrome de liberação de citocinas e neurotoxicidade. Além disso, a heterogeneidade do mieloma e a possível resistência à terapia são desafios significativos que precisam ser abordados. **Objetivo:** Abordar o potencial da terapia com células CART-T em pacientes com Mieloma Múltiplo. **Metodologia:** Revisão de literatura, realizada no mês de setembro de 2024, com filtro de busca de 2019 a 2024, utilizando o booleano “and”. A busca foi realizada na base de dados Pubmed, utilizando os descritores “CART-T cells”, “Therapy”, “Genetics”, “Myeloma” e “Treatment”. **Resultados:** Obtiveram-se 139 artigos, destes, apenas 3 foram selecionados para o estudo, pois atendiam às questões norteadoras da pesquisa: Qual a relevância das células CART-T no tratamento do Mieloma Múltiplo? **Conclusões:** Pesquisas atuais estão focadas em otimizar a eficácia da terapia CAR-T por meio da combinação com outras modalidades terapêuticas, como inibidores de proteassoma e anticorpos monoclonais, bem como aprimoramentos na engenharia das células CAR-T, como o uso de múltiplos alvos. Estas inovações visam melhorar a segurança e a durabilidade da resposta, ampliando assim as perspectivas para pacientes com mieloma múltiplo.

Palavras-chave: Antígenos. Células- T. Tratamento.

BIVALVES BRASILEIROS COMO INDICADORES DE GENOTOXICIDADE AQUÁTICA

Laís Lacerda Brasil de Oliveira^{1*}; Marcos Antonio Nobrega de Sousa²

¹Mestre em Climatologia (UECE). Fortaleza, CE, Brasil; ²Doutor em Genética (USP). Professor Associado, Orientador, (UFCG), Patos, PB, Brasil.

*Autor correspondente: laisbrasil@ufc.br

Resumo: No estudo da genotoxicidade, podem ser utilizados diversos organismos que estejam expostos a agentes potencialmente mutagênicos. Dentre os bivalves que são bioindicadores, encontra-se a espécie de molusco *Anomalocardia brasiliana* que possui grande distribuição na costa brasileira e é bastante consumida na alimentação humana. Foi buscado avaliar o estado da arte em relação aos bivalves brasileiros como bioindicadores in vivo de genotoxicidade. Destaca-se a pesquisa que avaliou a presença de micronúcleos nas células da hemolinfa desses animais como um parâmetro para indicar genotoxicidade nas praias de Barra (PT A), Pernambuquinho (PT B) e Alagamar (PT C) do município de Grossos – RN. Foram capturados quatro indivíduos de *A. brasiliana* em cada praia, nos meses de agosto de 2010 a janeiro de 2011, os quais foram levados para o laboratório de Genética e Evolução em recipientes plásticos contendo água do mar e sedimento, mantidos com aeração constante. Após 24h para aclimatação, a hemolinfa foi puncionada com seringa, fixada em etanol e ácido acético; gotejada sobre lâmina e corada com Giemsa. As lâminas foram analisadas sob o microscópio de luz com aumento de 1000x, sendo analisadas 2000 células por indivíduo e contabilizadas as células com micronúcleo. As médias e desvio padrões não foram estatisticamente significantes dentro de cada ponto de coleta entre os meses avaliados, mas entre as praias, os PT A e PT B apresentaram índices significativos de genotoxicidade. Os resultados da média das frequências no PT A foi de 4,3% de células micronucleadas, enquanto no PT B foi 3,0% e no PT C, 1,6%. As frequências de micronúcleos em várias espécies de bivalves brasileiros são variáveis, mas semelhantes entre si. Existem poucos trabalhos publicados e são necessários mais estudos envolvendo moluscos bivalves para estabelecer padrões que indiquem genotoxicidade.

Palavras-chave: Micronúcleos; Agentes genotóxicos; Mutagênese; Poluição Aquática; Moluscos.



II CONACIGEN
II Congresso Nacional de Citologia, Genética e
Biologia Molecular On-line

BIOLOGIA MOLECULAR EXPRESSÃO GÊNICA E REGULAÇÃO

MECANISMOS REGULATÓRIOS DA EXPRESSÃO GÊNICA NA ANGIOGÊNESE

Larissa Pereira Damasceno¹; João Marcos Oliveira da Silva²; Hanna Karolina de Araujo Batistão³; Carlos Vinicius Expedito de Souza⁴; Vinicius Bernardo de Oliveira⁵; Angel Mauricio Castro Gamero⁶

¹Estudante de Graduação em Bacharel em Biotecnologia, Universidade Federal de Alfenas (UNIFAL), Alfenas - MG, Brasil; Orientador: Prof. Doutor Angel Mauricio Castro Gamero; ²Mestre em Biociências Aplicadas à Saúde pela Universidade Federal de Alfenas (UNIFAL), Alfenas-MG, Brasil; ³Graduada em Bacharel em Ciências Biológicas, Universidade Federal de Alfenas (UNIFAL); Alfenas - MG, Brasil; ⁴Estudante de Graduação em Bacharel em Biotecnologia, Universidade Federal de Alfenas (UNIFAL), Alfenas - MG, Brasil; ⁵Estudante de Graduação em Bacharel em Ciências Biológicas, Universidade Federal de Alfenas (UNIFAL), Alfenas - MG, Brasil; ⁶Doutor em Genética pela Universidade de São Paulo (USP), Docente do Instituto de Ciências da Natureza (ICN), Laboratório de Genética Humana, Universidade Federal de Alfenas (UNIFAL), Alfenas-MG, Brasil

*Autor correspondente: larissapereiradamasceno@gmail.com

AT09: Biologia molecular: Expressão gênica e regulação

A angiogênese é o processo de formação de novos vasos sanguíneos a partir de vasos pré-existentes, essencial para a homeostase do organismo. A angiogênese é desencadeada pela necessidade de nutrientes ou oxigênio, levando à ativação de células endoteliais adjacentes. Regulada por uma complexa rede de fatores de crescimento e citocinas, incluindo VEGF, FGFs, PGF, PDGF, TNF- α , TGF- β e angiopoietinas, a angiogênese envolve aumento da permeabilidade endotelial, vasodilatação, proliferação e migração de células endoteliais. Para compreender melhor os principais mecanismos moleculares das vias angiogênicas, este estudo compilou informações recentes, focando na regulação e expressão de genes. Observamos que transcritos como HIF-1 α e NF- κ B desempenham papéis cruciais na regulação da angiogênese. Além disso, modificações epigenéticas, como a metilação do DNA e modificações das histonas, também influenciam a expressão de genes angiogênicos. Ademais, esta revisão destaca a também importância dos mecanismos regulatórios para estabelecer ou melhorar tratamentos de doenças relacionadas à angiogênese.

Palavras-chave: Angiogênese. HIF-1 α . Metilação. NF- κ B. Regulação Gênica.

POTENCIAL GÊNICO DA BACTÉRIA *Teredinibacter turnerae* MEDIANTE A SUA REPOSTA MOLECULAR PARA DEGRADAÇÃO DE CELULOSE COMO FOMENTO PARA BIOPROCESSOS

Fernando Gil Mesquita de Freitas Gonçalves¹; Francisco Alexandre Castro Santos²; Bruno Viana de Souza³; João Carlos da Costa Assunção⁴

¹Mestrando no Programa de Pós-Graduação em Energias Renováveis (PPGER) pelo Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Ceará - Campus Maracanaú (IFCE campus Maracanaú). Maracanaú, Ceará, Brasil. ²Graduando em Licenciatura em Química pelo Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Ceará - Campus Maracanaú (IFCE campus Maracanaú). Maracanaú, Ceará, Brasil. ³Graduado em Licenciatura em Química pelo Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Ceará - Campus Maracanaú (IFCE campus Maracanaú). Maracanaú, Ceará, Brasil. ⁴Doutor em Química Orgânica pela Universidade Federal do Ceará (UFC). Professor efetivo do Instituto Federal do Ceará - Campus Maracanaú (IFCE campus Maracanaú).

*Autor correspondente: fernandogilmesquita@gmail.com

AT09: Biologia molecular: Expressão gênica e regulação

Os atuais desafios biotecnológicos estão relacionados com a busca de novos produtos ou processos que aprimorem ou sanem problemas existentes nas indústrias alimentícias, energéticas e farmacológicas. Uma dessas problemáticas envolve a produção de biocombustíveis de 2^a geração, que apesar de promissores, apresentam algumas limitações. Os moluscos da família Teredinidae, conhecidos como vermes perfuradores de madeira, estão presentes nas regiões marítimas e nas regiões de mangue e contam com o auxílio de sua complexa microbiota associada a qual realizam a degradação de polissacarídeos complexos e lenhosos. A *Teredinibacter turnerae* é uma das principais bactérias responsáveis por essa atividade metabólica e estão alojadas na região das brânquias do molusco. Com base nas informações levantadas em artigos, dissertações e teses, foi conduzido uma investigação bibliográfica a fim de investigar o potencial para o aprimoramento do atual processo que permite o reaproveitamento dos resíduos do setor sucroalcooleiro, assim revolucionando o processo brasileiro de obtenção de energia. Denotou-se, portanto, o grande potencial genômico da *T. turnerae* em processos que necessitam da quebra da celulose. Entretanto, observou-se também a participação de outros protagonistas que favorecem ou potencializam esta resposta metabólica secundária.

Palavras-chave: Bioprospecção. Lignocelulósica. Microbiota. Teredinidae.



II CONACIGEN
II Congresso Nacional de Citologia, Genética e
Biologia Molecular On-line

BIOLOGIA MOLECULAR GENÔMICA E PROTEÔMICA

ANÁLISE DO GENE HIPOTÉTICO ATP8 EM *Hypsibius dujardini*: ESTRUTURA E FUNÇÃO NA CODIFICAÇÃO DE PROTEÍNAS

Ana Paula Rezende Ferreira^{1*}

¹Universidade Federal de São João Del-Rei / Campus Centro Oeste Dona Lindu

*Autor correspondente: anaa.rf20@ufsj.aluno.edu.br

AT10: Biologia molecular: Genômica e proteômica.

Introdução: O presente trabalho investiga o gene ATP8, identificado como a subunidade 8 da ATP sintase F0, em *Hypsibius dujardini*, um Tardígrado conhecido por sua resistência a condições extremas. Tardígrados têm fascinantes características biológicas e uma notável capacidade de sobreviver em ambientes severos. **Objetivo:** Caracterizar o gene ATP8 e correlacionar suas características estruturais e funcionais à codificação de proteínas neste organismo. **Metodologia:** Utilizou-se o NCBI para obter informações genéticas iniciais sobre o gene ATP8. A sequência foi analisada com o programa BLAST para comparação com outras sequências. Ferramentas como ResFinder, ExPASy, SignalP - 6.0 e preditores de glicosilação foram empregadas para análise estrutural e funcional da proteína. Programas como BUSCA, PSORT, e DeepLoc-1.0 ajudaram na previsão da localização subcelular. A predição da estrutura da proteína foi realizada com PROTEUS2 e SWISS-MODEL. A função da proteína e possíveis propriedades imunológicas foram analisadas com PSIPRED Workbench, AllerTOP v. 2.0 e outros softwares especializados. **Resultados:** A proteína ATP8 possui 47 aminoácidos, é globular e não possui peptídeo sinal. A análise estrutural indica que a proteína é predominantemente mitocondrial com 90% de confiança na solubilidade. A composição inclui 17% de hélice, 28% de folha beta e 55% de bobina. Não foram encontrados domínios transmembranares ou resíduos de sulfatação. A proteína também não é anti-inflamatória e apresenta alta probabilidade de funções em regulação metabólica e tradução. A caracterização do gene ATP8 em *Hypsibius dujardini* revelou que, embora o gene seja inédito e não alinhado a outros organismos, as análises indicam funções potenciais relevantes. **Conclusão:** A caracterização do gene ATP8 em *Hypsibius dujardini* revelou sua provável função mitocondrial e papel na regulação metabólica, destacando a importância de estudos futuros para explorar seu potencial biotecnológico e elucidar completamente seus mecanismos moleculares e aplicações.

Palavras-chave: Bioinformática. Mitocôndria. Regulação metabólica. Tardígrados.

ANÁLISE GENÔMICA DO SARS-COV-2: UMA REVISÃO

Maria Cidinaria Silva Alves^{1*}; Ruana Carolina Cabral da Silva²

¹Universidade Federal de Pernambuco, Recife – PE; ²Universidade Federal de Ouro Preto, Ouro Preto - MG

*Autor correspondente: cidinaria.alves@ufpe.br

AT10: Biologia molecular: Genômica e proteômica

Introdução: A pandemia de COVID-19, causada pelo coronavírus SARS-CoV-2, destacou a importância da análise genômica para compreender a dinâmica de transmissão e evolução do vírus. Revisões abrangentes das análises genômicas existentes são essenciais para consolidar o conhecimento atual e identificar lacunas para futuras pesquisas. **Objetivo:** Sintetizar e avaliar os estudos de análise genômica do SARS-CoV-2, destacando os principais achados sobre variações genéticas, evolução viral, e implicações para a saúde pública e desenvolvimento de vacinas. **Metodologia:** Foi realizada revisão bibliográfica abrangente em bases de dados científicas como PubMed, Scopus e Google Scholar. Foram selecionados estudos relevantes que abordam a análise genômica do SARS-CoV-2, publicados entre dezembro de 2019 e março de 2024. Os dados foram extraídos e analisados para identificar tendências e padrões comuns nos achados genômicos. **Resultados:** Os estudos revisados mostraram uma diversidade de mutações no genoma do SARS-CoV-2, com especial atenção para a proteína Spike devido ao seu papel na infectividade do vírus. Variantes significativas, como Alpha, Beta, Delta e Omicron, foram detalhadamente analisadas, mostrando adaptações específicas que aumentam a transmissibilidade e potencial de escape imunológico. A filogenia do vírus indicou múltiplas linhagens e sublinhagens emergentes, com disseminação global e regional variada. **Conclusão:** A revisão da análise genômica do SARS-CoV-2 revela a complexidade e a rápida evolução do vírus. As mutações identificadas têm implicações diretas para o controle da pandemia, afetando a eficácia das vacinas e tratamentos. A vigilância genômica contínua é crucial para monitorar e responder a novas variantes, garantindo a eficácia das estratégias de saúde pública e mitigação da pandemia.

Palavras-chave: COVID-19. Evolução Viral. Pandemia. Vigilância genômica.

APLICAÇÕES DA BIOINFORMÁTICA NA IDENTIFICAÇÃO E ANÁLISE DE VARIANTES GENÉTICAS: UMA REVISÃO

Ruana Carolina Cabral da Silva^{1*}; Maria Cidinaria Silva Alves²

¹Universidade Federal de Ouro Preto; ²Universidade Federal de Pernambuco

*Autor correspondente: ruana.silva@ufop.edu.br

AT10: Biologia molecular: Genômica e proteômica

Introdução: A bioinformática desempenha um papel fundamental na genômica, destacando-se especialmente na identificação e análise de variantes genéticas, as quais são diferenças na sequência de DNA entre indivíduos. A chamada de variantes tem sido necessária para o avanço de diversas pesquisas, contribuindo significativamente para a identificação de doenças e novas descobertas genéticas. **Objetivo:** Este trabalho tem como objetivo revisar as principais aplicações da bioinformática na chamada de variantes, abordando as ferramentas, técnicas e desafios associados a esse processo. **Metodologia:** Utilizamos uma metodologia de revisão sistemática, onde examinamos de forma detalhada estudos recentes que investigam uma variedade de algoritmos de alinhamento de sequências, métodos avançados de detecção de variantes e pipelines sofisticados de análise de dados genômicos. Este enfoque nos permitiu avaliar criticamente as técnicas mais promissoras atualmente utilizadas na identificação e análise de variantes genéticas. **Resultados:** Diversas metodologias são empregadas para identificar diferenças na sequência de DNA entre indivíduos. Uma das principais abordagens é o alinhamento de sequências, onde os dados genômicos são comparados com uma referência para identificar variações pontuais, inserções ou deleções. Algoritmos como o Burrows-Wheeler Aligner (BWA) e o Smith-Waterman são comumente utilizados para este fim. Além disso, técnicas baseadas em mapeamento de leituras de sequenciamento de nova geração (NGS) vem sendo empregadas, incluindo métodos como o Genome Analysis Toolkit (GATK), que aplica filtros estatísticos para distinguir variantes. Outra metodologia é a análise de dados utilizando pipelines bioinformáticos integrados, como o SAMtools e o Variant Call Format (VCF), que permitem uma avaliação abrangente e automatizada das variantes genéticas em larga escala, facilitando sua interpretação funcional e clínica. **Conclusões:** A evolução das análises que envolvem a chamadas de variantes tem sido fundamental para aprofundar a compreensão das doenças genéticas e para viabilizar a aplicação de abordagens personalizadas na medicina.

Palavras-chave: Genômica. Alinhamento de sequências. Medicina personalizada.

BIOPROSPECÇÃO DE POTENCIAIS BACTÉRIAS PROMOTORAS DO CRESCIMENTO DE PLANTAS ASSOCIADAS ÀS RAÍZES DE PIMENTEIRA-DO-REINO (*Piper nigrum L.*)

Anderson Moraes da Silva¹

¹Instituto de Ciências Biológicas/Universidade Federal do Pará

AT10: Biologia Molecular: Genômica e Proteômica.

Introdução: A pimenta-do-reino (*Piper nigrum L.*) é a mais comum especiaria consumida mundialmente e uma das principais commodities da pauta de exportações do estado do Pará. Outrossim, o uso de Bactérias Promotoras do Crescimento de Plantas (BPCPs) vem sendo muito estudado em várias culturas de importância socioeconômica por otimizarem a quantidade e qualidade dos vegetais, atuando como bioestimulantes, biofertilizantes e biocontroles. **Objetivo:** Logo, este estudo teve por objetivo isolar e identificar bactérias associadas às raízes de *Piper nigrum* cv. Bragantina e avaliá-las quanto as propriedades de promoção do crescimento vegetal, para potencial uso como biofertilizantes. **Metodologia:** Os isolados foram identificados através de coloração de Gram e sequenciamento parcial do gene rRNA 16S. A seleção de potenciais BPCPs foi realizada por meio dos ensaios de produção de ACC desaminase em meio mínimo DF com ACC; fixação biológica de nitrogênio pela presença do gene nifH; e solubilização de fosfato em placas de meio NBRIP. **Resultados:** 21 bactérias foram isoladas, das quais 19 isolados foram classificados com base na coloração de Gram como bacilos Gram-negativos e 2 isolados como bacilos Gram-positivos. A análise do rRNA 16s possibilitou a identificação de 6 gêneros: *Enterobacter* (7 isolados), *Klebsiella* (5 isolados), *Kosakonia* (5 isolados), *Bacillus* (2 isolados), *Pantoea* (1 isolado) e *Citrobacter* (1 isolado). A avaliação in vitro das propriedades de promoção do crescimento mostrou que 7 isolados pertencentes aos gêneros *Klebsiella*, *Kosakonia* e *Enterobacter* foram positivos para a produção de ACC desaminase; 4 isolados amplificaram o gene nifH, dos quais 3 isolados são pertencentes ao gênero *Kosakonia* e 1 pertencente a *Citrobacter* sp.; e apenas 1 isolado não solubilizou fosfato de cálcio inorgânico. **Conclusões:** Conclui-se que as bactérias avaliadas possuem potencial biotecnológico para promoção do crescimento vegetal em condições laboratoriais, necessitando, portanto, de testes em casa-de-vegetação e em campo para confirmar o potencial dessas bactérias.

Palavras-chave: ACC desaminase. BPCP. nifH. rRNA 16s. Solubilização de fosfato.

CARACTERIZAÇÃO DE PEPTÍDEOS ANTIMICROBIANOS ALPHA-HAIRPININ NO GENOMA DO FEIJÃO TEPÁRIO

Maria Cidinaria Silva Alves^{1*}; Ruana Carolina Cabral da Silva²

¹Universidade Federal de Pernambuco, Recife – PE; ²Universidade Federal de Ouro Preto, Ouro Preto - MG

*Autor correspondente: cidinaria.alves@ufpe.br

AT10: Biologia molecular: Genômica e proteômica.

Introdução: O feijão tepário (*Phaseolus acutifolius*) é uma espécie irmã do feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.), sendo altamente adaptada ao calor e à seca. Os peptídeos α -hairpinin são fontes de moléculas bioativas com uma ampla diversidade estrutural e exibem diversas atividades biológicas. **Objetivo:** Este estudo caracterizou os peptídeos antimicrobianos da família α -hairpinin no genoma do feijão tepário (*Phaseolus acutifolius*). **Metodologia:** Utilizando a expressão regular (Regex) com padrão de cisteínas, foram identificadas 10 sequências com o motivo α -hairpinin (PaHrp1-10). **Resultados:** Esses motivos foram encontrados nas proteínas com domínios Kunitz_legume, Peptidase_C1/Inhibitor_I29 e Root_cap. A maioria das PaHrps apresentou um peptídeo sinal na região N-terminal, exceto PaHrp1, PaHrp5 e PaHrp10. Os motivos α -hairpinin variaram em comprimento de 19 a 34 aminoácidos, com massa molecular entre 2,08 kDa e 3,74 kDa, e ponto isoeletrico variando de 3,58 a 9,13. Análises *in silico* mostraram que PaHrp7 possui atividades antifúngica, antibacteriana e antiviral, enquanto PaHrp1 e PaHrp9 apresentaram atividades antifúngica e antibacteriana. PaHrp6 demonstrou atividades antifúngica e antiviral, e PaHrp8 atividades antibacteriana e antiviral. PaHrp2 e PaHrp4 apresentaram apenas atividade antiviral, PaHrp5 e PaHrp10 antifúngica, e PaHrp3 apenas atividade antibacteriana. Os 10 genes PaHrp foram mapeados em seis dos 11 cromossomos da espécie, com o Chr11 ancorando cinco genes (PaHrp5-9). Os motivos PaHrps exibiram quatro resíduos de cisteína conservados, formando duas pontes dissulfeto características das α -hairpinin. **Conclusões:** Este estudo amplia o conhecimento sobre os peptídeos antimicrobianos em *P. acutifolius*, sugerindo seu potencial para aplicações terapêuticas e biotecnológicas na agricultura e saúde humana.

Palavras-chave: Análise *in silico*. Mapeamento genômico. *Phaseolus acutifolius*.

ESTRATÉGIAS ÔMICAS PARA A DESCOBERTA DE BIOMARCADORES EM DOENÇAS INFECCIOSAS E PARASITÁRIAS

Dayane Moraes¹

¹Instituto de Ciências Biológicas (ICB), Universidade Federal de Goiás (UFG),

*Autor correspondente: dayanemoraes123@hotmail.com

AT10: Biologia molecular: Genômica e proteômica.

Introdução: A identificação de biomarcadores eficazes para doenças infecciosas e parasitárias é crucial para diagnósticos precisos e tratamentos personalizados. A integração de dados genômicos e proteômicos tem se mostrado promissora, oferecendo uma visão mais ampla dos mecanismos moleculares às doenças. Essa combinação pode revelar interações complexas entre genes e proteínas, facilitando a descoberta de biomarcadores que possam ser usados em práticas clínicas. **Objetivo:** Explorar abordagens que combinem genômica e proteômica para identificar biomarcadores em doenças infecciosas e parasitárias. **Métodos:** Realizou-se uma revisão sistemática da literatura em bases de dados como PubMed, utilizando descritores DeCS, como: “Biomarcadores”, “Doenças infecciosas”, “Doenças parasitárias”, “Genômica”, “Proteômica”, para encontrar estudos sobre a integração de dados proteogenômicos na descoberta de biomarcadores. **Resultados:** A integração de dados genômicos e proteômicos tem permitido a identificação de biomarcadores específicos e sensíveis para doenças como tuberculose e malária. Em particular, abordagens como a proteogenômica identificam proteínas diferencialmente expressas em tecidos infectados. A análise combinada de sequências de DNA e perfis proteômicos revelou novas vias metabólicas associadas à patogênese. O uso de big data e inteligência artificial tem acelerado essa descoberta, facilitando a análise de grandes volumes de dados. Inovações incluem bancos de dados integrados que tornam as informações mais acessíveis para pesquisa. **Conclusão:** A combinação de genômica e proteômica é uma estratégia promissora para descobrir biomarcadores em doenças infecciosas e parasitárias, oferecendo maior precisão diagnóstica e possibilitando avanços significativos em terapias.

Palavras-chave: Diagnóstico molecular. Genômica. Proteômica. Terapias personalizadas.

GENÔMICA FUNCIONAL EM DOENÇAS COMPLEXAS: DESAFIOS E OPORTUNIDADES

Dayane Moraes¹

¹Instituto de Ciências Biológicas (ICB), Universidade Federal de Goiás (UFG),

*Autor correspondente: dayanemoraes123@hotmail.com

AT10: Biologia molecular: Genômica e proteômica.

Introdução: A genômica funcional tem se tornado uma ferramenta essencial para entender como variantes genéticas contribuem para a patogênese de doenças complexas, como diabetes, câncer e doenças neurodegenerativas. Ao integrar dados de expressão gênica, interações proteína-proteína e redes regulatórias, a genômica funcional permite uma compreensão mais profunda dos mecanismos biológicos subjacentes. Essa abordagem oferece a oportunidade de identificar alvos terapêuticos e biomarcadores com maior precisão. **Objetivo:** Revisar as abordagens de genômica funcional na compreensão da relação entre variantes genéticas e doenças complexas, destacando os desafios e oportunidades na descoberta de biomarcadores. **Métodos:** Foi realizada uma revisão da literatura em bases de dados, utilizando descritores DeCS, como: Genômica funcional, Doenças complexas, Variantes genéticas, para identificar estudos que abordam o uso da genômica funcional em doenças complexas. **Resultados:** Estudos recentes mostram que a genômica funcional tem sido crucial na identificação de variantes genéticas associadas a doenças complexas. Abordagens como RNA-seq e CRISPR-Cas9 foram utilizadas para mapear as interações gene-doença. Em doenças neurodegenerativas, por exemplo, a genômica funcional revelou novas vias metabólicas e redes de interação que são essenciais para a progressão da doença. Além disso, a combinação de dados de associação genômica com análise funcional tem permitido a identificação de loci regulatórios críticos. Inovações, como a edição de genes direcionada, estão aprimorando nossa capacidade de modelar doenças e testar intervenções terapêuticas. **Conclusão:** A genômica funcional oferece uma abordagem promissora para desvendar os mecanismos genéticos de doenças complexas, apresentando desafios significativos, mas também oportunidades valiosas para o desenvolvimento de novas terapias e biomarcadores.

Palavras-chave: Análise funcional. Edição de genes. Mecanismos biológicos.

MODELAGEM TRIDIMENSIONAL DE PROTEÍNAS SEMELHANTES À TAUMATINA DE OLIVEIRA SELVAGEM

Maria Cidinaria Silva Alves^{1*}; Ruana Carolina Cabral da Silva²

¹Universidade Federal de Pernambuco, Recife – PE; ²Universidade Federal de Ouro Preto, Ouro Preto - MG

*Autor correspondente: cidinaria.alves@ufpe.br

AT10: Biologia molecular: Genômica e proteômica.

Introdução: A oliveira selvagem (*Olea europaea* var. *sylvestris*) é ancestral das variedades de oliveira, adaptando-se a diversas condições climáticas e de solo, e resistindo a estresses ambientais. A família das Proteínas semelhantes às taumatinas (TLPs) é composta por proteínas estáveis em diversas condições de estresse, incluindo altas temperaturas e variações de pH. **Objetivo:** Este estudo modelou 6 genes de TLPs na oliveira selvagem e caracterizou as interações biomoleculares solvente-soluto dos modelos. **Metodologia:** Usando o AlphaFold, identificou-se o homólogo de maior identidade para cada TLP. Foram gerados 100 modelos teóricos para cada sequência TLP com o Modeller. Selecionou-se os melhores modelos pelo DOPE-Score. O PROCHECK foi utilizado para verificar regiões críticas e conflitos estereoquímicos. O PROSA-Web avaliou o dobramento dos modelos com a métrica Z-score. A ferramenta QMEANDisCo estimou a qualidade geral dos modelos. A caracterização das interações biomoleculares foi realizada com APBS-PDB2PQR. O PDB2PQR preparou o modelo, e os parâmetros pKa foram calculados com o PROPKA, usando o campo de força Charmm. A energia de solvatação foi calculada pela equação de Poisson-Boltzmann. **Resultados:** Foram selecionados templates com cobertura total. Para OeTLP4 e OeTLP10, os melhores modelos foram de *Glycine soja* (82.59%) e *Citrus unshiu* (83.26%). OeTLP15 teve 71.89% de identidade com *Artemisia annua*. OeTLP23 e OeTLP31 usaram templates de *Davidia involucrata* (89.04% e 80.27%). OeTLP42 teve 82.06% de identidade com *Theobroma cacao*. Mais de 90.1% dos resíduos de aminoácidos estavam em posições favoráveis. Os modelos apresentaram Z-Score entre -7.90 e -6.13, e energia global entre 0.73 e 0.86. OeTLP4 e OeTLP23 tinham carga superficial básica, enquanto OeTLP10, OeTLP15 e OeTLP31 tinham resíduos ácidos na superfície. OeTLP42 tinha caráter físico-químico neutro. **Conclusões:** A modelagem tridimensional revelou importantes características das TLPs da oliveira selvagem, contribuindo para o entendimento de suas funções e adaptações.

Palavras-chave: Estrutura de proteínas. *Olea europaea*. TLPs.

PERFIL PROTEÔMICO DO MÚSCULO GASTROCNÊMIO APÓS LESÃO DE TENDÃO CALCÂNEO

Filipe Balbino da Costa Lohmann^{1*}; Isabelle Souza Luz¹; Fabricio Reichert Barin¹; Ivo Vieira Sousa Neto²; Wagner Fontes¹; Rita de Cássia Marqueti¹

¹Universidade de Brasília; ²Universidade de São Paulo

*Autor correspondente: filipe.lohmann@gmail.com

AT10: Citologia: Biologia molecular: Genômica e Proteômica

Introdução: O sistema muscular é crucial para as atividades diárias, representando cerca de 40% da massa corporal total e sendo o principal tecido na produção de força, por meio das proteínas contráteis no sarcômero. A força gerada pelo músculo é transmitida aos tendões e ossos pela junção miotendínea (JMT), que possui uma estrutura complexa, especializada na transmissão de força e na comunicação entre tenócitos e miócitos. Alterações no equilíbrio do tecido muscular, JMT e tendão podem resultar em mudanças na comunicação tecidual e na expressão de proteínas ligadas à síntese e degradação muscular. Faltam estudos sobre as atividades celulares e proteicas do músculo e JMT após lesão tendínea, especialmente no tendão calcâneo (TC), para aprimorar abordagens clínicas e terapêuticas. **Objetivo:** Avaliar os efeitos da lesão parcial do TC sobre o perfil proteômico do Músculo Gastrocnêmio (MG) e JMT após transecção parcial do TC. **Métodos:** Foram utilizados 50 ratos Wistar de 2 meses, pesando 250g, aleatoriamente distribuídos em 5 grupos (n=7): controle sem transecção (C), grupo 3 dias pós-transecção (PTP-3d), 14 dias (PTP-14d), 28 dias (PTP-28d) e 55 dias (PTP-55d). Após o tempo estabelecido, o MG foi retirado para análises moleculares, congelado e armazenado a -80°C. O perfil de proteínas foi avaliado por ensaios de proteômica, usando Nano-LC-MS/MS em modelo animal. **Resultados Parciais:** Foram identificados 501 grupos de proteínas no MG, com 336 reguladas entre as condições analisadas (FDR <1) e pelo menos 2 peptídeos. Análise estatística a posteriori demonstrou que 8 réplicas biológicas foram suficientes para obter 90,8% das amostras com potência >0,8. A análise das interações proteicas revelou um grupo ampliado de proteínas envolvidas na resposta inflamatória em PTP-3d, inibindo endopeptidases no espaço extracelular. **Conclusão:** Espera-se que ensaios de proteômica identifiquem alterações no perfil de proteínas relacionadas à síntese muscular e matriz extracelular após transecção parcial do TC.

Palavras-chave: Lesão. Matriz extracelular. Proteômica. Tendão Calcâneo.

PRIMEIRA DESCRIÇÃO DO GENOMA MITOCONDRIAL COMPLETO DO *Gymnogeophagus labiatus* (TELEOSTEI; CICHLIFORMES; CICHLIDAE)

Vinícius Gonçalves de Miranda^{1*}; Igor Henrique Rodrigues-Oliveira²; Iuri Batista da Silva³; Karine Frehner Kavalco⁴; Rubens Pasa⁵

¹Universidade Federal de Viçosa - Campus Rio Paranaíba; ²Universidade Federal de Viçosa - Campus Rio Paranaíba, Universidade Federal de Minas Gerais; ³Universidade Federal de Viçosa - Campus Rio Paranaíba, Universidade Federal de Minas Gerais; ⁴Universidade Federal de Viçosa; ⁵Universidade Federal de Viçosa - Campus Rio Paranaíba,

*Autor correspondente: viniciusgoncalvesdemiranda90@gmail.com

AT10: Biologia molecular: Genômica e proteômica.

Introdução: *Gymnogeophagus labiatus*, é uma espécie de peixe sul-americano pertencente à ordem dos Cichliformes, conhecido popularmente por Cará-beiçudo devido aos seus lábios muito desenvolvidos. O genoma mitocondrial (mitogenoma), vem sendo empregado como uma ferramenta para aumentar a compreensão acerca das espécies. Isso se deve ao fato de apresentar uma organização e composição de genes conservada sobretudo nos vertebrados. Seus dados podem ser utilizados em diversos estudos como, por exemplo, os de genômica. **Objetivo:** O objetivo deste estudo, foi descrever o genoma mitocondrial do *G. labiatus* para que fosse aumentada a compreensão genômica acerca deste organismo.

Metodologia: A montagem e anotação do mitogenoma, foi feita por meio de sequências de DNA-Seq obtidas do Sequence Read Archive (código de acesso: ERR10768322) do National Center for Biotechnology Information (NCBI). Esses dados foram importados para a plataforma Galaxy Europe, onde foi utilizada a ferramenta NovoPlasty v4.3.1 para montar o genoma mitocondrial, utilizando como semente o gene parcial do citocromo b da própria espécie (código de acesso: MZ667543). A montagem seguiu os seguintes parâmetros: read length = 151, insert size = 300 e k-mer = 39. Posteriormente, foi utilizado o programa MitoAnnotator, disponível na plataforma MitoFish, para realizar a anotação do genoma. **Resultados:** Foi observado que o mitogenoma de *G. labiatus* possui 16.535 pares de base (pb), com um conteúdo de GC de 45%. Além disso, foram identificados 13 genes codificadores de proteínas (PCGs), dois RNAs ribossômicos (rRNA), 22 RNAs transportadores (tRNA) e uma região não-codificadora (D-loop) com 855 pb. **Conclusões:** Como a composição genômica encontrada está segundo o padrão esperado para peixes, pode-se concluir, que este estudo conseguiu descrever o primeiro genoma mitocondrial completo de *G. labiatus*, o que irá contribuir no aumento de sua compreensão, assim como poderá servir de referencial para a montagem de outros mitogenomas de espécies do gênero.

Palavras-chave: Bioinformática. Cará-beiçudo. Mitogenoma.

UTILIZAÇÃO DA PROTEÔMICA PARA IDENTIFICAÇÃO DE BIOMARCADORES EM INFECÇÕES FÚNGICAS

Dayane Moraes¹

¹Instituto de Ciências Biológicas (ICB), Universidade Federal de Goiás (UFG),

*Autor correspondente: dayanemoraes123@hotmail.com

AT10: Biologia molecular: Genômica e proteômica.

Introdução: Infecções fúngicas oportunistas são uma crescente preocupação, especialmente em pacientes imunocomprometidos, como aqueles com HIV/AIDS ou câncer. A proteômica, que estuda o conjunto de proteínas expressas em células, tecidos ou organismos, tem emergido como uma ferramenta poderosa para identificar biomarcadores que possam melhorar o diagnóstico e tratamento dessas infecções. A detecção precoce de biomarcadores específicos pode possibilitar intervenções terapêuticas mais eficazes, melhorando o prognóstico dos pacientes. **Objetivo:** Explorar como a proteômica pode ser aplicada na descoberta de biomarcadores para infecções fúngicas em pacientes imunocomprometidos. **Métodos:** Revisão da literatura em bases como PubMed e Google Scholar, focando em artigos dos últimos 10 anos, utilizando descritores como "proteômica", "biomarcadores", "infecções fúngicas" e "pacientes imunocomprometidos". **Resultados:** A proteômica tem identificado biomarcadores promissores para infecções fúngicas oportunistas, como candidíase invasiva e criptococose. Em pacientes com HIV/AIDS, biomarcadores específicos foram associados à progressão da criptococose, permitindo diagnóstico mais precoce. No tratamento do câncer, a proteômica ajudou a prever a resposta a terapias antifúngicas. Inovações recentes, como a espectrometria de massas de alta resolução, incluem o uso de proteômica baseada em espectrometria de massas de alta resolução, que melhoraram a sensibilidade na detecção de biomarcadores, sinalizando um potencial significativo para a personalização do tratamento de infecções fúngicas. **Conclusão:** A proteômica aplicada à identificação de biomarcadores para infecções fúngicas oportunistas é crucial para aprimorar o diagnóstico e tratamento em pacientes imunocomprometidos. Os avanços recentes na tecnologia proteômica oferecem novas possibilidades para intervenções terapêuticas mais eficazes e personalizadas.

Palavras-chave: Diagnóstico precoce. Espectrometria de massas. Terapias antifúngicas.



II CONACIGEN
II Congresso Nacional de Citologia, Genética e
Biologia Molecular On-line

ENSINO DE CITOLOGIA, GENÉTICA OU BIOLOGIA MOLECULAR

A CONTRIBUIÇÃO DAS AULAS PRÁTICAS NO APRENDIZADO DE CITOLOGIA NO ENSINO MÉDIO

Marina Morais Zardo

Unioeste

*Autor correspondente: marina.moraiszardo@gmail.com

AT11: Ensino de citologia, genética ou biologia molecular.

Introdução: O ensino de Ciências enfrenta desafios significativos, especialmente devido à complexidade das teorias científicas, que muitas vezes resulta em um conhecimento superficial e memorização. Nesse panorama, faz-se necessária a utilização de diferentes estratégias metodológicas para favorecer a aprendizagem. **Objetivo:** Investigar a eficácia das aulas práticas como estratégia metodológica para melhorar a compreensão dos alunos sobre Biologia, em particular, a diferenciação entre células procariontes e eucariontes. **Metodologia:** A pesquisa foi conduzida com turmas do 1º ano do Ensino Médio em uma escola pública, utilizando uma abordagem de Ciência-Tecnologia-Sociedade (CTS) para integrar conhecimento científico, social e tecnológico. As aulas teórico-práticas ocorreram no laboratório de Biologia, onde os alunos montaram e observaram lâminas com epiderme de cebola e iogurte, permitindo a visualização das diferentes células. O conteúdo abordou as características das células, sua importância e aplicações tecnológicas, como a utilização de células procariontes na produção de iogurte. Após as atividades práticas, os alunos discutiram suas observações em sala de aula, consolidando o aprendizado. **Resultados:** Os resultados da avaliação, realizada por meio de questionários, revelaram que muitos alunos associaram as células procariontes apenas ao iogurte, evidenciando a necessidade de aprofundar a discussão sobre a ubiquidade e benefícios dessas células. Além disso, foram observadas dificuldades de concentração nas atividades laboratoriais devido a abrangência de objetos científicos no ambiente, o que sugere a importância de utilizar o laboratório rotineiramente para a construção do conhecimento e não apenas em visitas esporádicas. **Conclusão:** Este estudo destaca que, apesar dos desafios, as aulas práticas tiveram um impacto positivo na compreensão dos alunos, permitindo que eles relacionassem conceitos teóricos às observações práticas. Conclui-se que a implementação de estratégias práticas pode enriquecer o ensino de Biologia, promovendo um aprendizado mais significativo e contextualizado.

Palavras-chave: Biologia Celular. Aula prática. CTS.

A CONTRIBUIÇÃO DOS MATERIAIS DIDÁTICOS PARA O ENSINO APRENDIZAGEM DOS ESTUDANTES SOBRE BIOLOGIA MOLECULAR

Bruno de Lucas Barros da Silva¹; Artemis Socorro do Nascimento Rodrigues²; Luciana Sampaio Lima³

¹Universidade Federal do Amapá/UNIFAP; ²Universidade Federal do Amapá/UNIFAP/; ³Universidade Federal do Amapá/UNIFAP;

*Autor correspondente: brunodelucas44@gmail.com

AT11: Ensino de citologia, genética ou biologia molecular

Introdução: A biologia molecular é uma área que estuda os mecanismos moleculares dos organismos, dando ênfase para o DNA e RNA, que são estruturas que define nossas características fenotípicas e genotípicas. É importante frisar que os conteúdos dessa área do conhecimento podem ser complexos e de difícil compreensão, por isso, é fundamental que os professores utilizem recursos que venham a auxiliar os alunos, para que possam aprender de forma dinâmica e com qualidade. **Objetivo:** Mostrar a importância da utilização dos recursos didáticos no ensino de biologia molecular. **Metodologia:** Para o estudo, foi realizado uma pesquisa bibliográfica. A pesquisa foi aprofundada através da análise de artigos indexados em bases de dados como Google Acadêmico e Scielo, abrangendo o período de 2022 a 2024, utilizando descritores como: Materiais didáticos, Ensino de biologia molecular, Recursos para o ensino aprendizagem. **Resultados:** A utilização de materiais didáticos é muito importante para a prática pedagógica dos professores em sala de aula, visto que são instrumentos eficazes que auxiliam os alunos durante a aula. Esses recursos também estimulam habilidades nos estudantes e permitem que eles se sintam seguros para questionar novos conhecimentos. Ademais, a escola deve promover um ambiente que permita o desenvolvimento do aluno. Dessa forma, o ensino de biologia molecular precisa de ferramentas que prendam a atenção do estudante, tornando ele parte da aula. Por isso, é necessário utilizar metodologias inovadoras que favoreçam a construção do pensamento científico dos estudantes. Os materiais didáticos podem ser construídos de muitas formas, como a estrutura do DNA que pode ser feita a partir de materiais reciclados e de baixo custo. Tornando assim o conteúdo de genética e biologia molecular mais fácil e didático. **Conclusões:** Outrossim, os materiais didáticos são ferramentas eficientes para a construção do conhecimento, facilitando o entendimento dos alunos em sala de aula.

Palavras-chave: Educação. Metodologias pedagógicas. Recursos didáticos.

APRENDIZAGEM BASEADA EM PROJETOS (ABP) PARA O ENSINO DE BIOLOGIA: UMA REVISÃO

Ruana Carolina Cabral da Silva¹; Maria Cidinaria Silva Alves²

¹Universidade Federal de Ouro Preto; ²Universidade Federal de Pernambuco

*Autor correspondente: ruana.silva@ufop.edu.br

AT11: Ensino de citologia, genética ou biologia molecular

Introdução: A Aprendizagem Baseada em Projetos (ABP) é uma metodologia pedagógica que envolve os alunos na investigação de problemas reais, promovendo a aplicação prática de conhecimentos e o desenvolvimento de habilidades como o pensamento crítico, a colaboração e a resolução de problemas. No contexto do ensino de biologia, a ABP oferece uma abordagem inovadora para superar as limitações dos métodos tradicionais de ensino e tornar o aprendizado mais significativo. **Objetivo:** Identificar e analisar o impacto da ABP no ensino de biologia. **Metodologia:** Adotou-se uma abordagem de revisão de literatura, a busca por estudos foi realizada em bases de dados acadêmicas como Google Scholar, SciELO e PubMed, utilizando termos como "Aprendizagem Baseada em Projetos", "Ensino de Biologia" e "Educação Básica", conectadas através dos operadores booleanos "AND" e "OR". Foram considerados artigos publicados entre 2014 e 2024, que apresentassem dados sobre a implementação da ABL em aulas de biologia, em português e inglês. **Resultados:** A revisão revelou que a ABP promoveu um aumento significativo no engajamento e na motivação dos alunos, incentivando a participação ativa e a curiosidade científica. A metodologia também facilitou uma compreensão mais profunda dos conceitos biológicos, permitindo aos alunos aplicar teorias na prática e resolver problemas reais. Notou-se que a ABP contribuiu para o desenvolvimento de habilidades importantes, como colaboração, comunicação e pensamento crítico. Os projetos tornaram a biologia mais relevante e contextualizada, aproximando os conhecimentos científicos da vida cotidiana dos alunos e tornando o aprendizado mais significativo. Entretanto, a implementação da ABP requer planejamento cuidadoso e suporte institucional, mas os benefícios observados justificam esses investimentos. **Conclusões:** É essencial que escolas e formuladores de políticas educacionais incentivem e apoiem a adoção de metodologias inovadoras, visando melhorar a qualidade do ensino de biologia e atender às diversas necessidades de aprendizagem dos alunos.

Palavras-chave: Ensino-Aprendizagem. Metodologias ativas. Aprendizagem significativa.

EDUCAÇÃO EM ASPECTOS AMBIENTAIS CITOLÓGICOS NO ENSINO MÉDIO

Carlos Eduardo Fortes Gonzalez

Universidade Tecnológica Federal do Paraná
cefortes@yahoo.com

AT11: Ensino de citologia, genética ou biologia molecular.

Introdução: A Educação Ambiental no ensino médio é decisiva para formar cidadãos conscientes e responsáveis. Os aspectos citológicos, que estudam as células e suas funções, fornecem uma base essencial para compreender fenômenos ambientais e suas interações biológicas. A integração desses conhecimentos pode promover uma visão holística do meio ambiente e incentivar práticas sustentáveis.

Objetivo: Analisar a importância da educação em aspectos ambientais citológicos no ensino médio, destacando como o entendimento das células e suas interações pode contribuir para a conscientização e a ação ambiental. **Metodologia:** Foi realizada uma revisão bibliográfica abrangente, utilizando bases de dados como *Scopus*, *Web of Science* e *Google Scholar*. Foram selecionados estudos publicados entre 2010 e 2024, que abordam a Educação Ambiental relacionada à Citologia no ensino médio. Os critérios de inclusão envolveram a relevância para a temática e a qualidade metodológica dos estudos. **Resultados:** A análise dos dados revelou que a inclusão da Educação Ambiental no contexto do conteúdo de Citologia na disciplina de Biologia proporciona uma compreensão mais aprofundada das interações ecológicas e dos impactos antropogênicos sobre os sistemas biológicos. Estudos indicam que alunos que possuem conhecimentos em Biologia celular estão mais aptos a entender questões complexas como poluição, mudanças climáticas e conservação da biodiversidade. Além disso, metodologias ativas como aulas práticas e projetos interdisciplinares mostraram-se eficazes em aumentar o engajamento e a compreensão dos estudantes. **Conclusões:** A educação em aspectos ambientais citológicos no ensino médio promove o desenvolvimento de uma consciência ambiental crítica. A integração desses conhecimentos no currículo escolar pode promover uma visão sistêmica do ambiente, capacitando os alunos nas temáticas socioambientais. Recomenda-se a adoção de metodologias interativas e práticas para maximizar o impacto educacional e incentivar a participação ativa dos estudantes em questões ambientais.

Palavras-chave: Educação Ambiental. Ensino de citologia. Estudos socioambientais.

ENSINO DE GENÉTICA APLICADA POR MEIO DE TEMAS CONTEMPORÂNEOS

Carlos Eduardo Fortes Gonzalez¹

¹Universidade Tecnológica Federal do Paraná
cefortes@yahoo.com

AT11: Ensino de citologia, genética ou biologia molecular.

Introdução: O ensino de Genética é relevante para a formação de cidadãos cientificamente alfabetizados, capazes de compreender e participar de debates sobre as questões biotecnológicas contemporâneas. No entanto, o ensino tradicional frequentemente se limita a conceitos teóricos descontextualizados, o que pode reduzir o engajamento e a compreensão dos discentes. **Objetivo:** Analisar como o ensino de Genética pode ser aprimorado através da aplicação de temas contemporâneos como biotecnologia, bioética e medicina personalizada, para tornar o aprendizado mais relevante e motivador. **Metodologia:** Foi realizada uma revisão bibliográfica abrangente, utilizando bases de dados como *Scopus*, *Web of Science* e *Google Scholar*. Foram selecionados artigos publicados entre 2010 e 2024, que abordam a integração de temas contemporâneos no ensino de Genética. Os critérios de inclusão abrangeram estudos que discutem estratégias pedagógicas e seus impactos na aprendizagem. **Resultados:** A utilização de temas contemporâneos no ensino de Genética proporciona um aprendizado mais significativo e contextualizado. Estudos mostram que a inclusão de discussões sobre engenharia genética, ética na manipulação genética e avanços na medicina genética aumenta o interesse do alunado e melhora a retenção de conceitos. Além disso, abordagens que utilizam estudos de caso e projetos interdisciplinares foram identificadas como particularmente eficazes. A análise revela também a importância de capacitar os professores para lidar com essas temáticas complexas e dinâmica. **Conclusões:** A aplicação de temas contemporâneos no ensino de Genética tem o potencial de transformar a experiência educacional, tornando-a mais atrativa. Esta abordagem facilita a compreensão de conceitos científicos e prepara os estudantes para enfrentar os dilemas éticos e sociais emergentes na área da Genética. Recomenda-se a implementação de programas de formação continuada para professores e a inclusão sistemática de temas contemporâneos nos currículos de Genética.

Palavras-chave: Biotecnologias. Ensino de Genética. Questões contemporâneas.

ESTRATÉGIAS E METODOLOGIAS PARA O ENSINO DE GENÉTICA NO ENSINO BÁSICO: UMA REVISÃO

Ruana Carolina Cabral da Silva^{1*}; Maria Cidinaria Silva Alves²

¹Universidade Federal de Ouro Preto; ²Universidade Federal de Pernambuco

*Autor correspondente: ruana.silva@ufop.edu.br

AT11: Ensino de citologia, genética ou biologia molecular

Introdução: A genética é um campo complexo e essencial no contexto escolar, conceitos abstratos e processos invisíveis, bem como a terminologia específica e as relações matemáticas subjacentes a alguns conteúdos exigem um nível de compreensão prévia que muitas vezes ainda não são desenvolvidas pelos estudantes. Sendo assim, faz-se necessário adotar estratégias pedagógicas inovadoras. **Objetivo:** Identificar e analisar as estratégias e metodologias empregadas no ensino de genética no ensino básico. **Metodologia:** Realizou-se uma busca abrangente em bases de dados acadêmicas como Google Scholar, SciELO e PubMed, selecionando artigos publicados entre 2014 e 2024 que abordam essas estratégias e metodologias. Os critérios de inclusão consideraram a relevância do conteúdo, a qualidade metodológica e a aplicabilidade prática das estratégias discutidas e o período temporal estabelecido. **Resultados:** Os dados revelaram diversas metodologias eficazes para o ensino de genética, incluindo: Abordagens práticas e experimentais, como experimentos simples, os quais tornam os conceitos genéticos mais acessíveis. O uso de tecnologias digitais, como simulações interativas, aplicativos educacionais e recursos multimídia, facilitando a compreensão de processos genéticos complexos. Métodos baseados em problemas, a exemplo dos estudos de caso e projetos, os quais incentivam a resolução de problemas e o pensamento crítico. A aprendizagem colaborativa, através de atividades em grupo e discussões em sala de aula, tal metodologia possibilita a troca de ideias e a construção coletiva do conhecimento. **Conclusões:** Portanto, a revisão destaca a importância de diversificar as estratégias e metodologias para o ensino de genética no ensino básico, tornando a matéria mais atrativa.

Palavras-chave: Ensino-aprendizagem. Genética na escola. Metodologias ativas.

FERRAMENTA DIGITAL NO ENSINO DE BIOLOGIA: AVALIAÇÃO DA EFICÁCIA DE UM MINICURSO DE CANVA

Mário Jeová dos Santos¹; Luana Lima Guimarães Alencar²

¹Mestrando em biologia de fungos, Universidade Federal de Pernambuco (UFPE), Pernambuco-PI, Brasil;

²Doutora em Bioquímica, Universidade Federal do Ceará (UFC), Fortaleza-CE, Brasil

*Autor correspondente: mariojeova241@gmail.com

AT11: Ensino de citologia, genética ou biologia molecular

Percebendo o potencial das ferramentas digitais, novas formas de aprendizagem podem ser utilizadas em contexto didático, instrutivo e educativo; traduzindo essas tecnologias como veículo de ensino-aprendizagem. O presente artigo objetiva-se avaliar a eficácia e a satisfação dos participantes de um minicurso remoto sobre o uso do Canva como ferramenta didática no ensino de Biologia durante a pandemia de Covid-19. O minicurso foi oferecido via *Google Meet* e contou com a participação de 30 inscritos, dos quais 22 responderam ao questionário de avaliação. Os resultados indicam que 100% dos participantes consideraram os conteúdos e objetivos do minicurso adequados, com 63,6% atribuindo nota máxima (10) à atividade. A maioria dos participantes já conhecia o Canva, mas o minicurso ampliou seu entendimento sobre a aplicação pedagógica da ferramenta. Os dados sugerem que o minicurso foi bem-recebido e eficaz em promover o uso do Canva no contexto educacional, incentivando futuras iniciativas semelhantes.

Palavras-chave: Ensino Superior. Metodologia Ativa. Tecnologias educacionais.

JOGO PARA O ENSINO DE EVOLUÇÃO BIOLÓGICA: CAPIVOR - DUELO EVOLUTIVO

Jeniffer Gabrielly de Sousa Pereira^{1*}; Lucas Pinheiro Calado²; **Dácio Daclielio Tenório da Silva**³; Djeisiane Gomes da Silva⁴; **Ana Gabrielly mangueira da Silva Nunes**⁵; **Karoline de Oliveira Bezerra**⁶; Marcos Antonio Nobrega de Sousa⁷

¹Graduanda em Ciências Biológicas (UFCG). Patos, PB, Brasil; ²Graduando em Ciências Biológicas (UFCG). Patos, PB, Brasil; ³Graduando em Ciências Biológicas (UFCG). Patos, PB, Brasil; ⁴Graduanda em Ciências Biológicas (UFCG). Patos, PB, Brasil; ⁵Graduanda em Ciências Biológicas (UFCG). Patos, PB, Brasil; ⁶Graduanda em Ciências Biológicas (UFCG). Patos, PB, Brasil; ⁷Professor Doutor em Genética (USP). Professor Associado, Orientador, (UFCG), Patos, PB, Brasil.

*Autor correspondente: lucas.calado@estudante.ufcg.edu.br

AT01: Ensino de citologia, genética ou biologia molecular

Resumo: O modelo tradicional de ensino está se tornando obsoleto, com novos instrumentos sendo cada vez mais integrados às salas de aula para facilitar o aprendizado dos alunos. A utilização de metodologias alternativas possibilita que o aprendizado dos alunos ocorra de várias maneiras, ao invés do padrão tradicional das aulas teóricas. Os jogos didáticos aplicados pelos docentes permitem integrar diversão ao ensino e melhorar o aprendizado dos discentes. A evolução biológica estuda os processos que resultam em mudanças entre as gerações de uma população de uma espécie. Entretanto, o ensino desse tema enfrenta diversas dificuldades, desde tabus criacionistas até concepções empíricas sobre hereditariedade. Assim, foi desenvolvido um jogo didático de tabuleiro, nomeado "Capivor: Duelo Evolutivo", com o objetivo de facilitar o aprendizado de evolução na educação básica, de forma que os alunos desenvolvam o pensamento evolutivo e compreendam os processos envolvidos. O material é versátil, de baixo custo, e pode ser utilizado tanto dentro quanto fora da sala de aula. A dinâmica do jogo aumenta a interação dentro da sala de aula, tanto entre o professor e os alunos, quanto entre eles mesmos, desenvolvendo um aprendizado dinâmico e ao mesmo tempo divertido.

Palavras-chave: Game Didático. Biologia. Educação Básica. Material Pedagógico.

MEIOSE: COLOCANDO A MÃO NA MASSA

Flavia Beatriz Mendes da Silva^{1*}; Vilma Loreto²

^{1,2}Departamento de Genética, CB-Universidade Federal de Pernambuco;

*Autor correspondente: flavia.beatrizmendes@ufpe.br

AT11: Ensino de citologia, genética ou biologia molecular.

Introdução: As aulas no ensino superior costumam ser em um formato convencional e, conseqüentemente, seletiva, visto que uma única forma de ensinar acaba não atingindo a todos os alunos da mesma forma. Além disso, na ciência há muitos conteúdos que podem ser considerados abstratos para o discente, ainda mais quando não é sua área de interesse acadêmico. Por isso, a prática como metodologia complementar é uma ferramenta fundamental para promover um bom aprendizado, podendo instigar o aluno a ir além do conteúdo visto em sala e construir o seu próprio conhecimento, a partir das dúvidas e da utilização de sentidos fora dos convencionais. Portanto, o presente trabalho traz uma dinâmica realizada pelos monitores da disciplina de Citogenética do curso de Licenciatura em Ciências Biológicas, da Universidade Federal de Pernambuco. **Objetivo:** Ressaltar a importância e eficácia desse tipo de atividade no processo de ensino-aprendizagem. **Metodologia:** Os alunos, em grupo, utilizaram massinha de modelar colorida e uma folha de papel ofício para representar as fases da Meiose (Prófase I: leptóteno, zigóteno, paquíteno, diplóteno e diacinese; Metáfase I; Anáfase I; Telófase I; Prófase II, Metáfase II; Anáfase II; Telófase II). Os monitores e a professora da disciplina estavam apenas auxiliando quando solicitado pelos alunos. **Resultados:** Os discentes apresentaram mais dúvidas, do que durante a aula expositiva em sala, além do diagnóstico obtido pela professora sobre a assimilação do conteúdo de meiose. **Conclusões:** O colocar a mão na massa, incentiva a utilização de outros sentidos, além do escutar e ver em uma aula tradicional, proporcionando que outras formas de aprender sejam atingidas nesse processo, tornando o aprendizado mais inclusivo e mais eficiente.

Palavras-chave: Ensino de citogenética. Genética. Metodologia ativa.

Agradecimentos e financiamento

Agradeço a professora Vilma Loreto pela oportunidade de participar e presenciar uma atividade de grande importância para a promoção do aprendizado.

USO DE REDES SOCIAIS NO ENSINO DE GENÉTICA: REVISÃO SISTEMÁTICA

Dácio Daclélio Tenório da Silva¹; Lucas Pinheiro Calado²; Jeniffer Gabrielly de Sousa Pereira³; Ana Gabrielly Manguiera da Silva Nunes⁴; Marcos Antonio Nobrega de Sousa⁵

¹Universidade Federal de Campina Grande; ²Universidade Federal de Campina Grande; ³Universidade Federal de Campina Grande; ⁴Universidade Federal de Campina Grande; ⁵Universidade Federal de Campina Grande

*Autor correspondente: marcos.nobrega@professor.ufcg.edu.br

AT11: Ensino de citologia, genética ou biologia molecular

Introdução: as novas tecnologias associadas com a educação estão mais presentes dentro da sala de aula depois da pandemia da COVID 19, quando as escolas tiveram que se adaptar para atender os padrões de isolamento social daquele momento. O uso das redes sociais como TikTok, YouTube, Instagram, etc. está associado ao padrão de vida das novas gerações, e a utilização dessas redes sociais para o ensino está sendo mais explorado pelos professores do ensino básico. Principalmente com a dificuldade na aprendizagem de genética, os alunos procuram meios alternativos para complementar os assuntos vistos em sala de aula. **Objetivo:** verificar qual o estado da arte da produção científica brasileira quanto ao uso de redes sociais para a propagação do ensino de genética. **Metodologia:** este estudo foi elaborado a partir de uma revisão sistemática, que incluiu uma busca nas bases de dados bibliográficas; Scielo, web of Science e Eric, utilizando as seguintes strings de busca e operadores booleanos: “YouTube OR Instagram OR facebook OR TikTok AND genetics AND education”. Foram utilizados os seguintes critérios de inclusão: período de 4 anos (2020 a 2024); assunto sobre educação básica no Brasil; e relacionado com o tema de genética. Tipo de documento definido: artigo; idioma do material: inglês ou português. **Resultados:** após finalizada a filtragem restaram 1012 artigos para análise. O material foi exportado para o Rayyan e foi realizada uma investigação em duplo-cego. Após as avaliações, foi verificado que não houve a identificação de nenhum material que explorasse as redes sociais no ensino de genética. Embora exista muito conteúdo divulgado nas redes sociais sobre biologia, de modo geral. **Conclusões:** Não existem artigos publicados que explore as redes sociais analisadas quanto ao ensino de genética, de acordo com os critérios utilizados. O que deixa caminhos para futuras pesquisas primárias.

Palavras-chave: Educação. Hereditariedade. Mídias Sociais.

O YOUTUBE COMO FONTE DE ENSINO DE EPIGENÉTICA

Lucas Pinheiro Calado¹; Dácio Daclielio Tenório da Silva²; Jeniffer Gabrielly de Sousa Pereira³; Márcia de Oliveira Mendes^{4*}; José Anselmo Filho Barbosa Moura^{5*}; Marcos Antonio Nobrega de Sousa^{6*}

¹Graduando em Ciências Biológicas (UFCG). Patos, PB, Brasil; ² Graduando em Ciências Biológicas (UFCG). Patos, PB, Brasil; ³Graduanda em Ciências Biológicas (UFCG). Patos, PB, Brasil; ⁴Graduanda em Ciências Biológicas (UFCG). Patos, PB, Brasil; ⁵Graduando em Ciências Biológicas (UFCG). Patos, PB, Brasil; ⁶Professor Doutor em Genética (USP). Professor Associado, Orientador, (UFCG), Patos, PB, Brasil.

*Autor correspondente: marcos.nobrega@professor.ufcg.edu.br

AT11: Ensino de citologia, genética ou biologia molecular

A plataforma de vídeos do Youtube foi de grande importância durante a pandemia da COVID-19. Pois, neste momento, o uso dessa plataforma ganhou um aumento de usuários mundialmente. Neste mesmo período ocorreu a grande utilização da mesma pelos professores para apoio ao ensino remoto. Deste modo, o objetivo desta pesquisa foi analisar as videoaulas sobre o conteúdo de epigenética na plataforma do Youtube, que tinha como enfoque o ensino básico, para entender se o assunto está sendo bem trabalhado, se possui informações corretas e não apresenta lacunas de conhecimento para o público-alvo. Esta pesquisa possui caráter quali-quantitativo com teor exploratório e descritivo. Os dados foram coletados através da plataforma digital Youtube (<https://www.youtube.com>), e a busca foi realizada, a partir das seguintes palavras chaves “epigenética” e “ensino básico”. Para a seleção dos vídeos aulas foram utilizados os critérios de inclusão: videoaula publicada a partir do ano de 2019; mais de 10.000 visualizações; gravada em Língua Portuguesa; e enfoque em algum nível de ensino da Educação Básica. O Youtube passou a ser muito utilizado, e quando atrelado ao ensino se tornou uma ferramenta didática poderosa. No entanto, os dados mostram que o tema está sendo pouco explorado por criadores de conteúdo nesta plataforma, pois o ensino da genética ainda é um desafio para alguns professores do ensino básico, por conta do nível de abstração e descontextualização com a realidade dos alunos, a tornando assim, de difícil compreensão para muitos.

Palavras-chave: Rede Social. Aprendizagem. Genética.

OS CONHECIMENTOS ADQUIRIDOS PELO ENSINO PODEM SER TRANSMITIDOS PELA HERANÇA EPIGENÉTICA?

Gabrielle Nóbrega Alves¹; Wesley Kauã da Silva Lima²; Marcos Antonio Nobrega de Sousa³

¹Graduanda em Ciências Biológicas (UFCG). Patos, PB, Brasil; ² Graduando em Ciências Biológicas (UFCG). Patos, PB, Brasil; ³Professor Doutor em Genética (USP). Professor Associado, Orientador, (UFCG), Patos, PB, Brasil.

*Autor correspondente: gabrielle.nobrega@estudante.ufcg.edu.br.

AT11: Ensino de citologia, genética ou biologia molecular

Este artigo analisa e discute a possibilidade em se transmitir os conhecimentos adquiridos no ensino por meio da herança epigenética para a descendência, com os objetivos de expor o que a literatura apresenta quanto aos mecanismos epigenéticos e o que há disponível na literatura científica sobre a origem do conhecimento humano e desenvolvimento da aprendizagem. Desse modo, foi realizada uma revisão bibliográfica de artigos publicados entre os anos de 2002 e 2024, com o auxílio do buscador do Portal de Periódicos da CAPES. Foram utilizados como descritores de assuntos os termos “Epigenetics”, “Knowledge”, “Transmission” e “Heredity”. Os descritores ainda foram testados em português e espanhol, mas não foram obtidos resultados no Portal. Como critério de inclusão foram utilizados os artigos científicos publicados no período de 2002 a 2024, que tivessem relação com o tema, e como critério de exclusão os dados de outro material que não seja artigo científico e que não tivesse acesso completo ao texto gratuitamente. Foram obtidos 45 resultados, e após a filtragem restaram apenas seis artigos. Como resultado, destaca-se a relação entre as teorias da origem do conhecimento e a epigenética, já que esta é capaz de influenciar a expressão dos genes relacionados ao desenvolvimento cognitivo, sugerindo que fatores genéticos e ambientais desempenham um papel crucial na formação da mente e da personalidade. Entretanto, é difícil mensurar o impacto da epigenética na transmissão dos conhecimentos adquiridos, suscitando a necessidade de novas pesquisas para entender melhor os seus mecanismos e implicações na aprendizagem humana.

Palavras-chave: Aprendizagem. Conhecimento. Descendência. Hereditariedade.



II CONACIGEN
II Congresso Nacional de Citologia, Genética e
Biologia Molecular On-line

OUTRAS ÁREAS DA BIOLOGIA MOLECULAR

CARACTERIZAÇÃO DO VIROMA DERMAL DE CÃES (*Canis lúpus familiaris*) ATRAVÉS DE DADOS PÚBLICOS DE SEQUENCIAMENTO DE NOVA GERAÇÃO

Fabiano Bezerra Menegidio^{1*}; Odilon Gonçalo Pinho Mendes Batista¹; Paulo Sallarola Takao¹

¹Universidade de Mogi das Cruzes

*Autor correspondente: odilon3520@gmail.com

AT12: Outras áreas da biologia molecular.

Introdução: o Sequenciamento de Nova Geração (NGS) revelou uma diversidade microbiana significativa na pele canina, sendo essencial para a vigilância de doenças infecciosas e zoonóticas. Através de abordagens como sequenciamento por amplicon e genoma completo, o estudo do viroma canino auxilia na identificação de patógenos e no desenvolvimento de estratégias de prevenção em saúde veterinária e pública. Fatores como idade, sexo e ambiente influenciam o microbioma cutâneo, e o uso de ferramentas bioinformáticas permite uma análise aprofundada desses dados. **Objetivo:** caracterizar o viroma da pele de cães utilizando dados públicos de NGS disponíveis no Sequence Read Archive (SRA) do NCBI. **Metodologia:** o pré-processamento das bibliotecas de metagenômica em um sistema Linux com 40 GB de RAM e 12 threads, removendo sequências do hospedeiro canino e contaminantes humanos por meio das ferramentas Kraken2 e Bowtie2. A análise taxonômica e a quantificação viral foram feitas com Kraken2, Bracken e Pavian, assegurando precisão na identificação dos vírus. **Resultados:** revelaram uma diversidade viral considerável, com diferentes susceptibilidades entre as raças estudadas (Bulldog Francês, Dálmata, Golden Retriever), os vírus zoonóticos, como Cytomegalovírus e Lentivirus, foram identificados, destacando o risco de transmissão entre espécies, as variações genéticas e ambientais influenciam essa diversidade, demandando mais pesquisas para entender esses fatores. **Conclusões:** reforça a importância do NGS na caracterização detalhada do viroma canino, com implicações diretas na saúde pública, a identificação de vírus zoonóticos exige monitoramento contínuo, e os achados servem de base para futuras pesquisas sobre a interação entre hospedeiros, vírus e o ambiente.

Palavras-chave: *Canis lúpus familiaris*. *Canis* skin. Metagenomics. Microbiome.



ANAIS DO II CONGRESSO NACIONAL DE CITOLOGIA, GENÉTICA E BIOLOGIA MOLECULAR ON-LINE (II CONACIGEN)

*Junielson Soares da Silva
Luanna Alves Miranda
Isaquiel de Moura Ribeiro Azevedo*
Organizadores



II CONACIGEN

II Congresso Nacional de Citologia, Genética e
Biologia Molecular On-line

Wissen Editora

Home page: www.editorawissen.com.br

E-mail: <mailto:wisseneditora@gmail.com>

Instagram: [@wisseneditora](https://www.instagram.com/wisseneditora)