III CONACIGEN

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

ANAIS DO III CONGRESSO NACIONAL DE CITOGENÉTICA E GENÉTICA MOLECULAR ON-LINE (III CONACIGEN)

Organizadores
Luanna Alves Miranda
Denise dos Santos Vila Verde
Isaquiel de Moura Ribeiro Azevedo

Wissen editora
Teresina - PI
2026

III CONACIGEN

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

ANAIS DO III CONGRESSO NACIONAL DE CITOGENÉTICA E GENÉTICA MOLECULAR ON-LINE (III CONACIGEN)

Organizadores
Luanna Alves Miranda
Denise dos Santos Vila Verde
Isaquiel de Moura Ribeiro Azevedo

Wissen editora
Teresina - PI
2026

Organizadores

Luanna Alves Miranda

Denise dos Santos Vila Verde

Isaquiel de Moura Ribeiro Azevedo

ANAIS DO III CONGRESSO NACIONAL DE CITOGENÉTICA E GENÉTICA MOLECULAR ON-LINE (III CONACIGEN)

Teresina-PI

2026

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

©2026 *by* Wissen Editora
Copyright © Wissen Editora
Copyright do texto © 2026 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: Dr. Junielson Soares da Silva
Ma. Neyla Cristiane Rodrigues de Oliveira
Dra. Denise dos Santos Vila Verde
Dra. Adriana de Sousa Lima

Projeto Gráfico e Diagramação Isaquiel de Moura Ribeiro Azevedo

Imagem da Capa: Canva

Revisão: Os autores
Os Organizadores

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 III Congresso Nacional de Citogenética e Genética Molecular On-line (III CONACIGEN)
3ª edição

Organização:

@bio10digitalcursos

Apoio científico:

@wisseneditora

@jesh.journal

@jormed.journal

@rensin.revista

Apoio e Parceria







Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

ANAIS DO III CONGRESSO NACIONAL DE CITOGENÉTICA E GENÉTICA MOLECULAR ON-LINE (III CONACIGEN)

http://www.doi.org/10.52832/wed.194

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

Congresso Nacional de Citogenética e Genética Molecular On-Line (3.: 2025: On-line).

Anais do III Congresso Nacional de Citogenética e Genética Molecular On-Line [livro eletrônico]: (III CONACIGEN) / organização Luanna Alves Miranda, Denise dos Santos Vila Verde, Isaquiel de Moura Ribeiro Azevedo. -- 3. ed. -- Teresina, PI: Wissen Editora, 2025.

PDF

Vários autores.
ISBN: 978-65-85923-91-0
DOI: 10.52832/wed.194

1. Biologia - Congressos 2. Genética 3. Genética molecular I. Miranda, Luanna Alves. II. Verde, Denise dos Santos Vila. III. Azevedo, Isaquiel de Moura Ribeiro. IV. Título.

26-336995.0 CDD-576.5

Índices para catálogo sistemático:

1. Genética: Biologia 576.5
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 ABNT:
MIRANDA, L. A.; VILA VERDE, D. dos S.; AZEVEDO, I. de M. R. Anais do III Congresso Nacional de Citogenética e Genética Molecular On-line (III CONACIGEN). v. 3, Teresina-PI: Wissen Editora, 2026, [Online]. **Anais** [...]. 3. ed. Teresina: Wissen Editora, 2026. DOI: 10.52832/wed.194

Teresina-PI, 2026

CREDENCIAIS DO III CONACIGEN

Site do evento:	https://www.even3.com.br/conacigen2025-595247/
Organizador	Bio10 Digital Cursos
Coordenadora Geral	Dra. Denise dos Santos Vila Verde
Vice Coordenadora	Ma. Luanna Alves Miranda
Coordenadora da Comissão Científica	Ma. Luanna Alves Miranda Dra. Denise dos Santos Vila Verde
Comissão Organizadora	Carlos Roberto dos Santos Veras – UFMA Denise dos Santos Vila Verde – UFRB Felipe Azevedo da Silva Vieira – UVA Isaquiel de Moura Ribeiro Azevedo – UDESC Junielson Soares da Silva – Bio10 Digital Cursos Luanna Alves Miranda Neyla Cristiane Rodrigues de Oliveira – IFPI

COMITÊ CIENTÍFICO

Comissão Científica	Dalva Eliane Antunes dos Santos Denise dos Santos Vila Verde João Vitor da Silva Luanna Alves Miranda Lucas Camilo Moraes Alves Matheus Pires Miranda Mayron Guedes Silva Silvana Silva dos Santos
Avaliadores de Trabalhos	Bruna Emanuelle Gomes Do Nascimento Bruno Miguel Barbosa da Costa Dalva Eliane Antunes dos Santos Flávio Antônio João Vitor da Silva Juliana Oliveira Lopes Barbosa Kleber Ribeiro Fidelis Luanna Alves Miranda Lucas Camilo Moraes Alves Matheus Pires Miranda Mayron Guedes Silva Rildson Melo Fontenele Silvana Silva dos Santos

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

PROGRAMAÇÃO

Palestras e Palestrantes

Minicurso: Avaliação citológica para rastreio de câncer de pulmão
Ministrante: João Marcos Oliveira da Silva

Minicurso: Princípios básicos de citologia na medicina veterinária
Ministrante: Acacia Eduarda de Jesus Nascimento

Palestra: Abordagens integrativas em bioinformática e genética molecular aplicadas ao estudo da resistência antimicrobiana
Palestrante: Ruana Carolina Cabral da Silva

Palestra: Staphylococcus saprophyticus - virulência e adaptações a ambientes hospitalares
Palestrante: Viviane Ribeiro dos Santos

Minicurso: Controle da Expressão Gênica em Vegetais
Ministrante: Flávio Antônio Zagotta Vital

Minicurso: Aspectos celulares e moleculares do envelhecimento
Ministrante: Renan Bisi Cypriano

Minicurso: O papel da sinalização celular na morte celular programada
Ministrante: Schirley Costalonga

Palestra: Isolamento das frações leucocitárias e plaquetas de sangue periférico de humanos e roedores
Palestrante: Pedro Henrique Doleski

Palestra: Citoproteção Celular Frente a Metais Tóxicos - Evidências Moleculares e Aplicações Biomédicas
Palestrante: Sheila Alves Gonçalves

Palestra: Marcadores Moleculares no Melhoramento de Plantas - Onde e Como Eles Fazem Diferença?
Palestrante: Jordana Caroline Nagel

Minicurso: qPCR em Genética Vegetal - Fundamentos e Desenho de Primers
Ministrante: Valquíria da Silva

Palestra: Manipulação Genética e Biossegurança - Protegendo o Trabalhador em Ambientes de Alta Complexidade Biológica
Palestrante: Silvana Silva Dos Santos

Palestra: Leveduras não-convencionias - explorando microrganismos alternativos no setor de insumos biológiocos do brasil

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

Palestrante: Carlos Emanoel Vieira Flores Soares

Palestra: Biomarcadores Teciduais e Moleculares - Uma Abordagem Multi-disciplinar em Ciências Biológicas
Palestrante: Lucas Camilo Moraes Alves

PREMIAÇÃO EM MENÇÃO HONROSA

Vídeo-Pôsteres

🥇 **1º Lugar**

Título: USO DE NANOCARREADORES BASEADOS EM MEMBRANAS DE BACTÉRIAS PARA A ENTREGA DE FÁRMACOS ANTITUMORAIS: UMA REVISÃO SISTEMÁTICA
Autores: Maira Freitas Matos Costa; José Rhaldney Lima de Queiroz; Maria Laura Soares de Oliveira; Laura Karoline Gonçalves Nunes; Barbara Maria Gouveia Gonçalves; Maria Gabriela Matias da Silva Brito; Raquel Nascimento da Silva; Vanessa Caroline Afonso do Nascimento; Anderson Lucas Alves da Silva; Francisco Leandro Medeiros De Lucena Jales
🔗 Assista: https://youtu.be/TnA-4VDpSwk

🥈 **2º Lugar**

Título: CARACTERIZAÇÃO FILOGENÉTICA *IN SILICO* DE LECTINA DE *B. holophylla*
Autores: Ludmila Maria Gonçalves Godoi De Camargos; Ana Hortência Fonseca Castro; Débora De Oliveira Lopes
🔗 Assista: https://youtu.be/kuNLv5MMqqM

🥉 **3º Lugar**

Título: ENTRE ESCAMAS E NUCLEOTÍDEOS: PRIMEIRA DESCRIÇÃO DO GENOMA MITOCONDRIAL DE *Podarcis carbonell*
Autores: Vinícius Gonçalves de Miranda; Davi Filipe Pimenta de Oliveira; Fabiano Bezerra Menegídio; Igor Henrique Rodrigues-Oliveira; Iuri Batista da Silva; Caroline Garcia; Rubens Pasa; Karine Frehner Kavalco
🔗 Assista: https://youtu.be/zE1DDmyhLPk

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

SOBRE OS ORGANIZADORES

Luanna Alves Miranda



Doutoranda e Mestre em Genética e Melhoramento pela Universidade Federal do Espírito Santo (UFES), com ampla experiência na análise de Fito-citogenotoxicidade, 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 (PICT). Minha trajetória acadêmica e profissional reflete meu compromisso com a pesquisa e o desenvolvimento científico, buscando contribuir para o avanço do conhecimento em minha área de atuação.

Denise dos Santos Vila Verde



Professora substituta (2025) da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (UFRB), no Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas (CCAAB), lecionando as disciplinas de Dendrologia, Silvicultura, Pesquisa Orientada, Inventário florestal e Fundamentos da Natureza Aplicados à Agroecologia. Doutora em Produção Vegetal pela Universidade Estadual de Santa Cruz UESC (2020-2024), como bolsista CAPES, com tese focada na indução de haploides e poliploides em citros, além de colaborações em pesquisas com mandioca, mamão e inhame. Mestre em Ciências Agrárias pela Universidade Federal do Recôncavo da Bahia UFRB (2020), com pesquisa desenvolvida na Embrapa Mandioca e Fruticultura sobre a conservação in vitro de germoplasma de inhame, também como bolsista CAPES. Especialista em Estatística Aplicada pela UNOPAR (2022-2023) e licenciada em Biologia pela Cruzeiro do Sul Virtual (2020-2021), possui ainda graduação em Engenharia Florestal pela UFRB, com atuação como bolsista FAPESB em Ciência do Solo (2014-2015). Entre 2015 e 2018, atuou como bolsista FAPESB/CNPq no Laboratório de Cultura de Tecidos da Embrapa Mandioca e Fruticultura, com experiência em micropropagação de citros, mandioca, inhame e mamão. Tem experiência como professora conteudista, autora, revisora, leitora crítica, validadora de questões e de materiais didáticos, atuando em diferentes áreas do conhecimento e no desenvolvimento de oficinas e materiais pedagógicos. Atua ainda na organização de eventos científicos da Bio10 Digital Cursos, sendo também Editora-chefe da Wissen Editora, contribuindo diretamente para a produção, revisão e disseminação do conhecimento científico em diversas áreas do saber.

Isaquiel de Moura Ribeiro Azevedo



Mestre pelo Programa de Pós-graduação em Ensino de Ciências, Matemática e Tecnologias (PPGECMT) pela Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC) e foi bolsista tanto pela da Fundação de Amparo à Pesquisa e Inovação do Estado de Santa Catarina (FAPESC), quanto pelo Programa de Bolsas de Monitoria de Pós-graduação (PROMOP). Pós-graduado em Educação em Ciências e Matemática pelo Instituto Federal de Santa Catarina (IFSC). Graduado em Licenciatura em Ciências Biológicas pelo Instituto Federal do Piauí (IFPI), onde atuou no Programa Institucional de Bolsas de Iniciação à Docência (PIBID), desenvolvendo atividades voltadas para o ensino de Ciências e Biologia.

SUMÁRIO

APRESENTAÇÃO **18**

ESTRUTURA E FUNÇÃO CELULAR **19**

ANÁLISE DA VIABILIDADE CELULAR DA CALOGÊNESE DE *Zinnia elegans* SUBMETIDAS À CRIOPRESERVAÇÃO EM NITROGÊNIO LÍQUIDO 20

Pamela dos Santos Ribeiro[1]; Antônio Rodrigues da Cunha Neto[1]; Breno Régis Santos[1] 20

BIOMARCADORES MOLECULARES CLÍNICOS DA INFLAMAÇÃO EM DISTÚRBIOS CARDIOMETABÓLICOS NA GESTANTE 21

Iago Prina Rocha[1*]; Norma Lopes de Magalhães Velasco Basto[2]; Valdirene Leão Carneiro[3] 21

CARACTERÍSTICAS FUNCIONAIS DAS CÉLULAS-TRONCO MESENQUIMAIS NA REGENERAÇÃO TECIDUAL: UMA REVISÃO 22

Carolina Ribeiro Rossan[1] 22

EFEITO DE CONCENTRAÇÕES MICROMOLARES DE ADENOSINA SOBRE A VIABILIDADE CELULAR AVALIADA PELOS CORANTES AZUL DO NILO E VERMELHO NEUTRO EM CÉLULAS B16F10 EM CULTIVO CELULAR 23

Pedro Henrique Doleski[2]; Rafaella Pereira da Silveira[1]; Daniela Bitencourt Rosa Leal[1,2] 23

ESPECIFICAÇÕES TÉCNICAS DOS CORANTES AZUL DO NILO, AMIDO BLACK, LEISHMANN, MG-GIEMSA, VERDE DE MALAQUITA E VERMELHO NEUTRO EM CULTIVO CELULAR 24

Pedro Henrique Doleski[1]; Rafaella Pereira da Silveira[2] 24

ESTRUTURA E FUNÇÃO CELULAR: UMA REVISÃO NARRATIVA 25

Maria Gabrielle Marques Ribeiro 25

PALETA MOLECULAR: ANÁLISE COMPARATIVA DE CINCO CORANTES CITOLÓGICOS EM CÉLULAS DE MELANOMA MURINO B16F10 26

Pedro Henrique Doleski[1]; Rafaella Pereira da Silveira[2] 26

PROCESSOS CELULARES E ORGANELAS **27**

MECANISMOS DE MOTILIDADE CELULAR SOB ÓTICA DIMENSIONAL 28

Giovanna de Souza Maciel[1]; João Marcos Oliveira da Silva[2]; Angel Mauricio Castro Gamero[3] 28

OUTRAS ÁREAS DA CITOLOGIA **29**

ACHADOS CITOLÓGICOS E ISOLAMENTO DE *Enterococcus faecium* EM LAVADO BRONCOALVEOLAR DE CÃO COM PNEUMONIA 30

Samuel Pagoto de Souza[1*]; Raphael Assis Leandro de Morais[2] 30

AVALIAÇÃO CITOLÓGICA VAGINAL EM CADELAS 31

Samuel Pagoto de Souza[1*]; Amanda Marmol[2]; Raphael Assis Leandro de Morais[3] 31

AVALIAÇÃO DAS ECTOENZIMAS ENTPDASE, E5'NUCLEOTIDASE E EADA EM LINFÓCITOS ESPLÊNICOS DE RATOS COM DIABETES TIPO 2 EXPERIMENTAL 32

Pietra dos Santos de Oliveria[1*]; Pedro Henrique Doleski[2] 32

QUIMIOTAXONOMIA EM PSILOTOPSIDA: CORRELAÇÃO ENTRE DIÓIS E NÚMERO CROMOSSÔMICO EM PSILOTALES E OPHIOGLOSSALES 33

Flávio Antônio Zagotta Vital[1]* 33

REVISÃO DA CITOLOGIA DE LAVADO TRAQUEAL E BRÔNQUICO NA AVALIAÇÃO E DIAGNÓSTICO DE PNEUMONIAS INFECCIOSAS E INFLAMAÇÕES PULMONARES EM BEZERROS 35

Marcos Vinicius Vidal Silva[1*] 35

REVISÃO SOBRE A CITOLOGIA DE LINFONODOS NO AUXÍLIO AO DIAGNÓSTICO DIFERENCIAL DA LINFADENITE TUBERCULOSA E OUTRAS AFECÇÕES GRANULOMATOSAS EM BOVINOS 36

Marcos Vinicius Vidal Silva[1*] 36

REVISÃO SOBRE A CITOLOGIA ENDOMETRIAL NO DIAGNÓSTICO DE ENDOMETRITE SUBCLÍNICA EM VACAS LEITEIRAS: UMA FERRAMENTA DE MANEJO REPRODUTIVO 37

Marcos Vinicius Vidal Silva[1*] 37

GENÉTICA MOLECULAR E HUMANA 38

ALTERAÇÕES NUCLEARES NA IDENTIFICAÇÃO CRIMINAL: REVISÃO DE LITERATURA 39

Matheus Amaral Fernandes da Silva[1]; Dácio Dacliélio Tenório da Silva[2]; Marcos Antonio Nobrega de Sousa[3] 39

DNA AMBIENTAL (E-DNA) NA INVESTIGAÇÃO FORENSE 40

Matheus Amaral Fernandes da Silva[1]; Dácio Dacliélio Tenório da Silva[2]; Marcos Antonio Nobrega de Sousa[3] 40

MICRORNAS DA REGULAÇÃO METABÓLICA NA GESTAÇÃO: INTEGRAÇÃO DE GENÔMICA E PROTEÔMICA PLACENTÁRIA 41

Iago Prina Rocha[1*]; Norma Lopes de Magalhães Velasco Basto[2]; Valdirene Leão Carneiro[3] 41

O DNA ESPERMÁTICO EM FOCO: A FRAGMENTAÇÃO COMO FERRAMENTA DIAGNÓSTICA NA ANÁLISE DA FERTILIDADE MASCULINA 43

Mel Braz Barcellos Cunha[1]; Lincoln Bastos Farias Junior[2]; Amanda Conceição Pimenta Salles[3]; Mariana Duque de Mello[4]; Paula Fontoura Coelho de Souza[5]; Isabela Resende Pereira[6] 43

TECNOLOGIAS DE SEQUENCIAMENTO DE NOVA GERAÇÃO (NGS) NA INVESTIGAÇÃO CRIMINAL 44

Matheus Amaral Fernandes da Silva[1]; Dácio Dacliélio Tenório da Silva[2]; Marcos Antonio Nobrega de Sousa[3] 44

GENÉTICA CLÍNICA E DIAGNÓSTICO DE DOENÇAS GENÉTICAS 45

APLICAÇÃO DO ACONSELHAMENTO GENÉTICO NA REPRODUÇÃO HUMANA ASSISTIDA 46

Gabrielle da Silva Brugger[1] 46

PLATAFORMAS E ESTRATÉGIAS DE VACINAS CONTRA O HIV, DEMONSTRAM SEGURANÇA E SINAIS DE IMUNOGENICIDADE/EFICÁCIA? 47

Dácio Dacliélio Tenório da Silva[1]; Taiane Martins Alves[2]; Marcos Antonio Nobrega de Sousa[3] 47

SÍNDROME DE WOLF-HIRSCHHORN: UMA REVISÃO DE LITERATURA SOBRE ASPECTOS CLÍNICOS, DIAGNÓSTICOS E TERAPÊUTICOS 48

Pedro Cambuy de Azevedo[1]; Guilherme Siqueira Alves Moreira[2*], Giovanni Fernandes Zorneta[3], Guilherme Garcia Santos[4], Fábio de Assis Pinto[5] 48

SURDEZ NEUROSSENSORIAL CONGÊNITA ASSOCIADA AO GENE BRANCO (W) EM FELINOS DOMÉSTICOS 49

Clara Dantas Ferreira[1] 49

OUTRAS ÁREAS DA GENÉTICA 50

DIETA DE *Sparisoma frondosum* REVELADA POR METABARCODING EM DOIS RECIFES BRASILEIROS 51

Leila Osvaldina Nascimento de Santana[1*]; Juliana Beltramin de Biasi[1]; Carlos Werner Hackradt[1]; Fabiana Cézar Félix Hackradt[1] 51

USO DO ITS2 COMO FERRAMENTA DE DISCRIMINAÇÃO DE TUBARÕES MARTELO 52

Tiago Sousa de Farias[1*]; Luciana Almeida Watanabe Castro[2]; Luis Fernando da Silva Rodrigues Filho[2] 52

EXPRESSÃO GÊNICA E REGULAÇÃO 53

ALTERAÇÕES MOLECULARES E IMUNOLÓGICAS ASSOCIADAS À DEMODICOSE EM CÃES: REVISÃO DE LITERATURA 54

Carolina Ribeiro Rossan[1] 54

MECANISMOS EPIGENÉTICOS ASSOCIADOS AO MICROBIOMA INTESTINAL MATERNO 55

Iago Prina Rocha[1*]; Norma Lopes de Magalhães Velasco Basto[2]; Valdirene Leão Carneiro[3] 55

O PAPEL DO HPV NO CÂNCER DE COLO DE ÚTERO: UMA REVISÃO DE LITERATURA SOBRE MECANISMOS GENÉTICOS RESPONSÁVEIS PELA ONCOGÊNESE 57

Geovana Ferraz Bizarria[1]; Mariana Minante Khalil; Rafael da Silva Clemente[1]; Beatriz Benevente Correa[1]; Guilherme Romão Morais Martins[1]; Isabela Gonçalves Caris[1]; Lucas Jaalouk Andraus[1]; Pedro Wouters[1]; Maria Izabela Marques do Nascimento[1]; Ana Carolina Barbosa Padovan[2] 57

REGULAÇÃO GÊNICA DO METABOLISMO DO CÁLCIO EM VACAS LEITEIRAS NO PERÍODO DE TRANSIÇÃO 58

Rutiele Silveira[1]; Laura de Souza Soares[1]; Natiel Braga Furtado[1]; Nicoly Leal Valadão[1]; Henrique da Rosa Feijó[1]; Stefane Gabriela Bork Soares[1]; Tereza Caxias de Oliveira[1]; Raiane de Moura da Rosa[1]; Wesley Silva da Rosa[1]; Milene Lopes dos Santos[1] 58

GENÔMICA E PROTEÔMICA 59

APLICAÇÕES DA GENÔMICA COMPARATIVA E PREDIÇÃO ESTRUTURAL NA ELUCIDAÇÃO DE MECANISMOS DE RESISTÊNCIA ANTIMICROBIANA 60

Ruana Carolina Cabral da Silva[1] 60

CARACTERIZAÇÃO DO GENOMA MITOCONDRIAL DE *Penicillium bilaiae* (Ascomycota; Eurotiales) 61

Gizela Ferreira Matos[1]; Priscila Martins de Assis[1], Renan Rodrigues Rocha[1.3], Davi Filipe Pimenta de Oliveira[1.], Luiz Guilherme Pereira Pimentel[2], Karine Frehner Kavalco[1.3], Rubens Pasa[13] 61

ENTRE ESCAMAS E NUCLEOTÍDEOS: PRIMEIRA DESCRIÇÃO DO GENOMA MITOCONDRIAL DE *Podarcis carbonelli* 62

Vinícius Gonçalves de Miranda[1*]; Davi Filipe Pimenta de Oliveira[2]; Fabiano Bezerra Menegídio[3]; Igor Henrique Rodrigues-Oliveira[4]; Iuri Batista da Silva[5]; Caroline Garcia[6]; Rubens Pasa[7]; Karine Frehner Kavalco[8] 62

MONTAGEM DO PRIMEIRO GENOMA MITOCONDRIAL DE *Archaeolacerta bedriagae* UTILIZANDO A FERRAMENTA *MEGAHIT* 63

Vinícius Gonçalves de Miranda[1*]; Davi Filipe Pimenta de Oliveira[2]; Fabiano Bezerra Menegídio[3]; Igor Henrique Rodrigues-Oliveira[4]; Iuri Batista da Silva[5]; Caroline Garcia[6]; Rubens Pasa[7]; Karine Frehner Kavalco[8] 63

PRIMEIRA DESCRIÇÃO DO GENOMA MITOCONDRIAL DE *Penicillium fuscoglaucum* (Ascomycota; Eurotiales) 64

Gizela Ferreira Matos[1]; Priscila Martins de Assis[1], Renan Rodrigues Rocha[1,3], Davi Filipe Pimenta de Oliveira[1.], Luiz Guilherme Pereira Pimentel[1.], Karine Frehner Kavalco[1.], Rubens Pasa[1.] 64

TRANSPORTADORES DE POTÁSSIO EM *Vigna unguiculata:* IDENTIFICAÇÃO, CLASSIFICAÇÃO E CARACTERIZAÇÃO IN SILICO DE GENES, PROMOTORES, E PROTEÍNAS CODIFICADAS 65

Roberto Augusto do Nascimento Monte[1]; Ederson Akio Kido[2] 65

ENSINO DE CITOLOGIA, GENÉTICA OU BIOLOGIA MOLECULAR 66

ANÁLISE DAS DOENÇAS GENÉTICAS HUMANAS NOS LIVROS DIDÁTICOS DO PNLD 2021 – OBJETIVO 2 67

Marcos Antonio Nobrega de Sousa [1]; Dácio Dacliélio Tenório da Silva[2] 67

FREQUÊNCIA E DESEMPENHO DOS VÍDEOS SOBRE GENÉTICA NO CANAL "PAULO JUBILUT" NO YOUTUBE 68

Taiane Martins Alves[1]; Bárbara Wanessa de Sousa Buarque[2], Dácio Dacliélio Tenório da Silva[3], Cauê Guedes Ramalho[4], Marcos Antonio Nobrega de Sousa[5] 68

ASSUNTOS DE GENÉTICA NO CANAL BIOLOGIA COM SAMUEL CUNHA NO YOUTUBE 69

Taiane Martins Alves[1]; Cauê Guedes Ramalho[2]; Bárbara Wanessa de Sousa Buarque[3]; Dácio Dacliélio Tenório da Silva[4]; Marcos Antonio Nobrega de Sousa[5] 69

BIOLOGIA MOLECULAR NO ENSINO SUPERIOR: DESAFIOS E PERSPECTIVAS NO ENSINO SUPERIOR 70

Andresssa Byanca Ferreira da Silva[1] 70

DA TEORIA À PRÁTICA: ESTRATÉGIAS LÚDICAS E ACESSÍVEIS NO ENSINO DE CIÊNCIAS NO FUNDAMENTAL II 71

Levi Gonçalves da Silva[1] 71

DNA NA PALMA DA MÃO: ENSINO DE BIOLOGIA MOLECULAR PARA ALUNOS DO FUNDAMENTAL II 72

Levi Gonçalves da Silva[1] 72

ENSINO DE MEIOSE: UM ESTUDO A PARTIR DOS ANAIS DO CONEDU 73

Juliana Georgia da Silva[1*]; Maria Eduarda da Silva Souza[2] 73

GENÉTICA HUMANA NOS LIVROS DIDÁTICOS DO PNLD: UMA REVISÃO SISTEMÁTICA 74

Marcos Antonio Nobrega de Sousa[1]; Dácio Dacliélio Tenório da Silva[2*] 74

ILUSTRAÇÕES ASSOCIADAS AO CONTEÚDO DE CARACTERÍSTICAS GENÉTICAS HUMANAS, NOS LIVROS DIDÁTICOS DO OBJETIVO 2, DO PNLD DE 2021 75

Marcos Antonio Nobrega de Sousa[1]; Dácio Dacliélio Tenório da Silva[2*] 75

QUALIDADE DO ASSUNTO SOBRE CARACTERÍSTICAS GENÉTICAS HUMANAS NOS LIVROS DIDÁTICOS DO PNLD DE 2021 76

Taiane Martins Alves[1]; Dácio Dacliélio Tenório da Silva[2]; Marcos Antonio Nobrega de Sousa[3] 76

OUTRAS ÁREAS DA BIOLOGIA MOLECULAR 77

APLICAÇÃO DE TÉCNICAS MOLECULARES NO DIAGNÓSTICO DE *Babesia spp.* EM CÃES: REVISÃO SISTEMÁTICA 78

Jéssica Carolina da Silva[1 *]; Alexandre Wagner Silva Hilsdorf [1]; Daniela Leite Jabes[1] 78

BANCOS DE DADOS BIOINFORMÁTICOS COMO FERRAMENTA ESTRATÉGICA NO MONITORAMENTO DA RESISTÊNCIA ANTIMICROBIANA 79

Ruana Carolina Cabral da Silva[1] 79

FERRAMENTAS MOLECULARES (PCR-RFLP E MULTIPLEX PCR) PARA A IDENTIFICAÇÃO DE TUBARÕES E RAIAS: UMA ABORDAGEM CIENCIOMETRICA 80

Tiago Sousa de Farias[1*] 80

IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR DA DIVERSIDADE DE RAIAS PESCADAS/COMERCIALIZADAS NO LITORAL AMAZÔNICO BRASILEIRO 81

Tiago Sousa de Farias[1*] 81

PREDIÇÃO DE NOVOS ALVOS TERAPÊUTICOS EM BACTÉRIAS MULTIRRESISTENTES POR MEIO DE MODELAGEM ESTRUTURAL E DOCKING MOLECULAR 82

Ruana Carolina Cabral da Silva[1] 82

REVISÃO DOS TÉCNICAS MOLECULARES USADAS NA RECONSTRUÇÃO FILOGENÉTICA DE MYRTEAE (MYRTACEAE): IMPLICAÇÕES TAXONÔMICAS PARA *Eugenia* L. 83

Flávio Antônio Zagotta Vital[1]*; Augusto Giaretta[2]; Miller Melo Sanches[1]; Renata Maria Strozi Alves Meira[1] 83

EFEITO PROTETOR DO EXERCÍCIO FÍSICO NO RETARDO DO ENCURTAMENTO DOS TELÔMEROS 85

Tatiana Melo Bastos [1] *; Daniela Costa Silva[1, 2] 85

BIOTECNOLOGIA 86

BIOMARCADOR CALPROTECTINA: O USO DA BIOINFORMÁTICA PARA SUA ANÁLISE ESTRUTURAL E PROSPECÇÃO DE USO EM TESTES IMUNOCROMATOGRÁFICOS 87

Hugo Henrique da Silva Gugliotti[1]; Eliane Trovatti[2] 87

CARACTERIZAÇÃO FILOGENÉTICA *IN SILICO* DE LECTINA DE *Bauhinia holophylla* .. 88

Ludmila Maria Gonçalves Godoi de Camargos[1]; Débora de Oliveira Lopes[2]; Ana Hortência Fonseca Castro[3]* 88

COMPETIÇÃO CELULAR ENTRE SUBPOPULAÇÕES DE CÉLULAS-TRONCO DERIVADAS DA POLPA DENTÁRIA 89

Júlia Seganfredo[1]; Ana Helena Selenko[1]; Mateus de Oliveira Lisboa[1]; Anna Beatriz Seara Schlickmann[1]; Tatiane Mie Arakaki Moraes da Silva[1]; Paulo Roberto Slud Brofman[1]; Letícia Fracaro[1] 89

IDENTIFICAÇÃO DE GENES CODIFICADORES DE CCCH-ZF EM FEIJÃO-CAUPI [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] 90

Gleyson Kelve Almeida de Souza[1]; Valquíria da Silva[2]; Ederson Akio Kido[3] 90

SEXAGEM ESPERMÁTICA E FECUNDAÇÃO *IN VITRO*: TECNOLOGIAS AVANÇADAS PARA POTENCIALIZAR O GANHO GENÉTICO EM BOVINOS 91

Clara Dantas Ferreira[1] 91

MUTAÇÕES GÊNICAS: FUNDAMENTOS PARA O AVANÇO DO DIAGNÓSTICO E DA TERAPIA MOLECULAR 92

Alicia de Oliveira Alves[1]; Daniela Costa Silva[2] 92

O PAPEL DA INTELIGÊNCIA ARTIFICIAL NA OTIMIZAÇÃO DE DIAGNÓSTICOS NA SAÚDE 93

Dácio Dacliélio Tenório da Silva[1]; Taiane Martins Alves[2]; Marcos Antonio Nobrega de Sousa[3] 93

O USO DA BIOTECNOLOGIA PARA MELHORAMENTO GENÉTICO EM GADO LEITEIRO: REVISÃO DE LITERATURA 94

Carolina Ribeiro Rossan[1] 94

POTENCIAL ANTINEOPLÁSICO DE COMPOSTOS DERIVADOS DE PLANTAS: UMA REVISÃO DE LITERATURA 95

Matheus Bastos Vasconcelos[1*]; Mayron Guedes Silva[2]; Raphael Guedes Silva[1]; Rachel Melo Ribeiro[1]; Marilene Oliveira da Rocha Borges[3] 95

PRÓPOLIS E SEUS COMPOSTOS BIOATIVOS NA ATIVIDADE ANTICÂNCER ORAL: UMA ANÁLISE BIBLIOMÉTRICA 96

Mayron Guedes Silva[1*]; Matheus Bastos Vasconcelos[2]; Raphael Guedes Silva[2]; Diego Muniz Martins[3]; Rachel Melo Ribeiro[2]; Marilene Oliveira da Rocha Borges[4] 96

SEXAGEM ESPERMÁTICA E FECUNDAÇÃO *IN VITRO*: TECNOLOGIAS AVANÇADAS PARA POTENCIALIZAR O GANHO GENÉTICO EM BOVINOS 97

Clara Dantas Ferreira[1] 97

BIOQUÍMICA 98

Jatropha curcas: UMA REVISÃO INTEGRATIVA DO POTENCIAL TERAPÊUTICO NO CÂNCER MAMA E OSTEOSSARCOMA 99

Maira Freitas Matos Costa[1]*; José Rhaldney Lima de Queiroz[1]; João Vitor Xavier da Silva Silva[1]; Francisco Leandro Medeiros de Lucena Jales[1] 99

ENGENHARIA GENÉTICA 100

UTILIZAÇÃO DO SISTEMA CRISPR/CAS9 PARA OBTENÇÃO DE TOMATEIRO EDITADO PARA RESISTÊNCIA À PATÓGENOS DO GÊNERO *Xanthomonas* 101

Nátaly Duarte Lopes da Costa[1*], Lucas José de Souza[2], Adriane Wendland[3] e Angela Mehta[4] 101

NANOTECNOLOGIA 102

EFEITOS DE COMPOSTOS NANOPARTICULADOS NO TECIDO SANGUÍNEO DE PEIXES DE ÁGUA DOCE: UMA REVISÃO SISTEMÁTICA DE ESTUDOS ECOTOXICOLÓGICOS 103

Lucas Camilo Moraes Alves[1*] 103

NANOMATERIAIS E SEUS EFEITOS NO ZEBRAFISH (*Danio rerio*): UMA REVISÃO INTEGRATIVA DE IMPACTOS HEPÁTICOS 104

Lucas Camilo Moraes Alves[1*] 104

USO DE NANOCARREADORES BASEADOS EM MEMBRANAS DE BACTÉRIAS PARA A ENTREGA DE FÁRMACOS ANTITUMORAIS: UMA REVISÃO SISTEMÁTICA 105

Maira Freitas Matos Costa[1*]; José Rhaldney de Lima Queiroz[1]; Maria Laura Soares de Oliveira[1]; Laura Karoline Gonçalves Nunes[1]; Barbara Maria Gouveia Gonçalves[1]; Maria Gabriela Matias da Silva Brito[1]; Raquel Nascimento da Silva[1]; Vanessa Caroline Afonso do Nascimento[1]; Anderson Lucas Alves da Silva[1]; Francisco Leandro Medeiros de Lucena Jales[1]. 105

APRESENTAÇÃO

Caríssimos(as) estudantes, pesquisadores(as) e profissionais das áreas de Citologia, Genética e Biologia Molecular e Celular, é com grande satisfação que apresentamos os Anais do **III Congresso Nacional de Citogenética e Genética Molecular On-line (III CONACIGEN)**, realizado de 22 a 24 de outubro de 2025, em formato totalmente virtual. Este congresso consolida-se como um importante espaço de integração científica, reunindo participantes de diversas regiões do país em torno de debates atuais, produção acadêmica qualificada e troca de experiências.

Ao longo de três dias de intensa programação, o evento ofertou palestras, minicursos e apresentações de trabalhos científicos, totalizando 30 horas de atividades. A modalidade on-line ampliou o alcance do congresso, promovendo acessibilidade, democratização do conhecimento e fortalecimento das redes de colaboração científica.

Promovido pela Bio10 Digital Cursos, com apoio científico da Wissen Editora e das revistas Journal of Education, Science and Health (JESH), Journal of Research in Medicine and Health (JORMED) e Base Científica (RBC), o III CONACIGEN reafirma seu compromisso com a excelência acadêmica, a inovação científica e a valorização da pesquisa nas áreas de citogenética e genética molecular.

Os trabalhos aqui publicados refletem o empenho e a dedicação de estudantes e pesquisadores que contribuem significativamente para o avanço do conhecimento científico. Os resumos simples compõem estes Anais, enquanto os capítulos de livros integram o e-book *"Citogenética e Genética Molecular em Foco: 3ª edição"*. Os artigos científicos submetidos foram avaliados para possível publicação nas revistas apoiadoras, conforme sua temática.

A todos(as) os(as) autores(as), palestrantes e participantes, nosso sincero agradecimento. Que esta coletânea represente não apenas o registro científico do evento, mas também inspiração para novas pesquisas e futuras colaborações.

Prof. Dr. Junielson Soares da Silva
Comissão Organizadora
III CONACIGEN – 2025

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

ESTRUTURA E FUNÇÃO CELULAR

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

ANÁLISE DA VIABILIDADE CELULAR DA CALOGÊNESE DE *Zinnia elegans* SUBMETIDAS À CRIOPRESERVAÇÃO EM NITROGÊNIO LÍQUIDO

Pamela dos Santos Ribeiro[1]; Antônio Rodrigues da Cunha Neto[1]; Breno Régis Santos[1]

[1]Universidade Federal de Alfenas/Instituto de Ciências Naturais
*Autor correspondente: pamelaribeirocrv3@gmail.com

AT01: Citologia: Estrutura e função celular

INTRODUÇÃO: A caracterização de tecidos é um conjunto de técnicas que visam a análise de materiais vegetais e animais para a constatação da composição, função, estrutura e viabilidade celular. O cloridrato de tetrazólio é um composto químico que pode ser utilizado para verificar a viabilidade de células. Após serem submetidas a temperaturas ultrabaixas para a criopreservação, células da calogênese de *Zinnia elegans*, encapsuladas em sementes sintéticas, com diferentes concentrações de sulfato de zinco (5 mg L^{-1}, 10 mg L^{-1} e 15 mg L^{-1}) para testar proteger essas células. Na criopreservação são utilizados crioprotetores que protegem a membrana plasmática e a parede celular dos cristais de água que se formam durante o congelamento. Após 30 dias, as sementes foram retiradas do nitrogênio e inoculadas em meio de cultivo *in vitro* convencional, composto por meio MS pleno, sacarose, ágar e BAP (regulador de crescimento). Não havendo nenhum progresso no crescimento dessas células elas passaram pelo teste de tetrazólio para sua caracterização. Certificando assim, a possível inviabilidade desse tecido. **OBJETIVO:** O presente estudo possui como objetivo testar a viabilidade das células criopreservadas com sulfato de zinco no nitrogênio líquido. **METODOLOGIA:** A caracterização das células foi realizada após dois meses da retirada do nitrogênio para o meio de cultivo convencional. Os calos foram imergidos em solução de cloreto de trifenil tetrazólio a 0,05%. Depois foram para a incubadora BOD (Demanda Bioquímica de Oxigênio) sem luz e com 40°C de temperatura, onde ficaram por uma hora para a caracterização do tecido através da coloração. **RESULTADOS:** Somente o grupo controle, calos de Zínia que não foram criopreservados e que com certeza estavam vivos, ficaram com a cor vermelha. Entretanto, nenhum dos tecidos submetidos à criopreservação com ou sem o uso de zinco ficaram vermelhas, mas permaneceram com a cor amarelada/amarronzada. **CONCLUSÕES:** A partir dos resultados obtidos com a caracterização das células foi possível observar que o sulfato de zinco, sozinho, não pode ser utilizado como crioprotetor. Tendo em vista que nenhum dos tecidos criopreservados apresentaram viabilidade celular após o processo que foram submetidos utilizando o tetrazólio, é possível constatar que no processo de criopreservação é indispensável a utilização de um crioprotetor mais eficiente contra os cristais de água.

Palavras-chave: Calos. Encapsulamento. Tetrazólio. Zinco.

Agradecimentos e financiamento
Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) [Funding Code 001], CAPES/BRASIL PDPG-POSDOC No. 2930/2022. Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq). Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG).

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

BIOMARCADORES MOLECULARES CLÍNICOS DA INFLAMAÇÃO EM DISTÚRBIOS CARDIOMETABÓLICOS NA GESTANTE

Iago Prina Rocha[1*]; Norma Lopes de Magalhães Velasco Basto[2]; Valdirene Leão Carneiro[3]
[1]Instituto de Ciências da Saúde (ISC)/Universidade Federal da Bahia (UFBA); [2]Departamento de Saúde II (DSII)/Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia (UESB); [3]Departamento de Ciências da Vida (DCV)/ Universidade do Estado da Bahia (UNEB)
*Autor correspondente: iagoprina@hotmail.com

AT01: Estrutura e Função Celular

INTRODUÇÃO: Os distúrbios cardiometabólicos na gestação, como diabetes e hipertensão, estão intimamente relacionados à inflamação crônica de baixo grau e à disfunção celular. Esses biomarcadores não apenas refletem a presença de processos inflamatórios, mas também auxiliam na estratificação de risco materno e fetal, orientando condutas clínicas. **OBJETIVO:** discutir como as alterações funcionais celulares e moleculares participam da inflamação persistente e influenciam os desfechos gestacionais. **METODOLOGIA:** Trata-se de uma revisão da literatura, foram consultadas as bases científicas eletrônicas: BVS; SciELO e PUBMED, utilizando-se dos descritores: "gestação"; "distúrbios metabólicos"; "resposta imune", utilizou-se o operador boleano "AND" para o cruzamento dos descritores. Foram encontrados 89 artigos, excluiu-se aqueles que não atenderam aos critérios de inclusão: idiomas português e inglês, recorte temporal de 2016 a 2025; critérios de exclusão: artigos não disponíveis na íntegra resultando em 11 artigos ao final da triagem. **RESULTADOS:** Entre os marcadores mais relevantes, destacam-se a proteína C-reativa (PCR) e o fibrinogênio, ambos frequentemente dosados em exames de rotina. A PCR é um marcador clássico de inflamação sistêmica, produzido pelo fígado em resposta à ação de citocinas pró-inflamatórias como a interleucina-6 (IL-6). Níveis elevados de PCR em gestantes podem indicar risco aumentado de complicações como pré-eclâmpsia, restrição de crescimento intrauterino e parto prematuro, sobretudo em mulheres com diabetes gestacional, diabetes mellitus tipo I ou II, sobrepeso ou obesidade. Outro conjunto de biomarcadores laboratoriais não comuns envolve as citocinas inflamatórias circulantes, como IL-6, IL-1β e o fator de necrose tumoral alfa (TNF-α). Embora a dosagem dessas moléculas não seja parte da rotina clínica, estudos científicos demonstram que gestantes com distúrbios metabólicos apresentam níveis significativamente aumentados dessas citocinas, sugerindo sua contribuição para disfunção endotelial. Em nível celular, observa-se ativação de vias pró-inflamatórias mediadas por IFN-γ e produção aumentada de citocinas como TNF-α e IL-6, que afetam a sinalização insulínica e promovem resistência à insulina. Células endoteliais expostas a altos níveis de glicose e lipídios sofrem estresse oxidativo, alterando a função mitocondrial e prejudicando a biodisponibilidade de óxido nítrico. Esse ambiente inflamatório impacta a placenta, reduzindo a eficiência das trocas materno-fetais. Estudos indicam que terapias antioxidantes e moduladores de vias de sinalização celular podem atenuar esses efeitos. **CONCLUSÕES:** Conclui-se que a função celular desempenha papel central na perpetuação da inflamação crônica, e sua preservação é estratégica para prevenir complicações gestacionais associadas a distúrbios cardiometabólicos.

Palavras-chave: Gestação. Gene. Imunológico. Metabolismo.

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

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

CARACTERÍSTICAS FUNCIONAIS DAS CÉLULAS-TRONCO MESENQUIMAIS NA REGENERAÇÃO TECIDUAL: UMA REVISÃO

Carolina Ribeiro Rossan[1]

[1]FAM- Faculdade De Americana.
*Autor correspondente: carolinarossan@fam.edu.br

AT01: Citologia: Estrutura e função celular

INTRODUÇÃO: As células-tronco mesenquimais (CTMs) são células estromais não hematopoiéticas com alta capacidade de autorrenovação e diferenciação, desempenhando papel essencial na regeneração de tecidos como músculos, tendões, ligamentos, ossos, cartilagens e tecido adiposo. Essas células apresentam morfologia fibroblastóide, aderência ao plástico em cultura e potencial de expansão *in vitro*, mantendo suas propriedades de crescimento e plasticidade, o que as torna amplamente exploradas na medicina regenerativa. **OBJETIVO:** Este estudo teve como objetivo descrever e analisar as principais características estruturais e funcionais das CTMs, enfatizando seus mecanismos biológicos de diferenciação, modulação imunológica e atuação na reparação tecidual. **METODOLOGIA:** O trabalho foi conduzido por meio de uma revisão bibliográfica integrativa realizada entre agosto e setembro de 2025, nas bases de dados PubMed e SciELO, utilizando-se descritores como "células-tronco mesenquimais", "estrutura celular", "função biológica" e "regeneração tecidual". Foram inicialmente identificados 48 artigos científicos, dos quais 30 atenderam aos critérios de inclusão: publicações completas em português ou inglês, com metodologia experimental ou de revisão, abordando diretamente aspectos estruturais, funcionais e terapêuticos das CTMs. Foram excluídos artigos duplicados, resumos de eventos e estudos com enfoque exclusivamente clínico sem discussão celular ou molecular. Os dados foram analisados de forma comparativa e descritiva, com ênfase nos principais achados relacionados à expressão gênica, diferenciação celular e modulação imunológica**. RESULTADOS:** Os estudos demonstraram que, por permanecerem indiferenciadas por longos períodos, as CTMs mantêm potencial de diferenciação em linhagens unipotentes, multipotentes e pluripotentes. Além disso, por serem MHC II negativas e não expressarem CD40, CD80 e CD86, apresentam baixa imunogenicidade, possibilitando seu uso em transplantes alogênicos sem imunossupressão. As CTMs atuam por mecanismos parácrinos, liberando fatores de crescimento, citocinas e vesículas extracelulares (EVs) contendo proteínas, mRNAs e microRNAs que reduzem a apoptose e estimulam a proliferação celular. Estudos também indicam que o cultivo em ambientes hipóxicos (5% O_2) aumenta a expressão de genes relacionados à glicólise, crescimento, sobrevivência e diferenciação osteogênica. **CONCLUSÕES:** Conclui-se que as CTMs se destacam por sua versatilidade, plasticidade e baixa imunogenicidade, atuando de forma eficiente na reparação e regeneração tecidual. Sua capacidade de adaptação ao microambiente e interação com diferentes sinais celulares reforçam seu potencial terapêutico, consolidando-as como uma ferramenta promissora para o avanço das terapias celulares e da medicina regenerativa moderna.

Palavras-chave: Células-tronco. Diferenciação. Reparação tecidual.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

EFEITO DE CONCENTRAÇÕES MICROMOLARES DE ADENOSINA SOBRE A VIABILIDADE CELULAR AVALIADA PELOS CORANTES AZUL DO NILO E VERMELHO NEUTRO EM CÉLULAS B16F10 EM CULTIVO CELULAR

Pedro Henrique Doleski[2]; Rafaella Pereira da Silveira[1]; Daniela Bitencourt Rosa Leal[1,2]

[1]Departamento de Microbiologia e Parasitologia/Universidade Federal de Santa Maria; [2]Programa de Pós-graduação em Ciências Farmacêuticas/Universidade Federal de Santa Maria
*Autor correspondente: ph_doleski@hotmail.com

AT01: Citologia: Estrutura e função celular

INTRODUÇÃO: Adenosina é um nucleosídeo de adenina formado através da hidrolise de nucleotídeos como ATP, ADP e AMP, em geral, de forma enzimática que ocorre por um conjunto de enzimas hidrolíticas como as fosfatases e nucleotídases. Este nucleosídeo de adenina se mantem em baixas concentrações (faixa nanomolar) devido a regulação enzimática, porém em patologias como isquemia (hipóxia) e em tumores a concentração de Adenosina atinge concentrações micromolares. Em altas concentrações este nucleosídeo pode desenvolver efeitos antiagregantes, anti-inflamatórios e vasodilatador ao interagir com receptores purinérgicos específicos para adenosina. Ao mesmo tempo, a elevação nos níveis de adenosina induz alterações metabólicas, as quais podem causar estresse e dano celular. **OBJETIVO:** Assim avaliamos o efeito da Adenosina a 100 μM em células de melanoma cutâneo (linhagem B16F10) através dos corantes Azul do Nilo e Vermelho Neutro. **METODOLOGIA:** Células B16F10 mantida em cultivo celular em meio DMEM suplementado com 10% SFB foram expostas a 100 μM de Adenosina por 16 horas. As células foram coradas com Azul do Nilo (0,1%) e Vermelho Neutro (0,3%) para avaliação microscópica e espectrofotométrica para determinação da viabilidade celular. **RESULTADOS:** As células B16F10 mantidas com ADO apresentaram redução na viabilidade celular quando comparada com células sem ADO pela avaliação com Azul do Nilo ($p = 0.016$) e Vermelho Neutro ($p = 0.0069$). **CONCLUSÕES:** Tumores sólidos atingem concentrações de 10 a 100 μM de Adenosina, as quais podem afetar a funcionabilidade e viabilidade das células ali presentes. Em relação a linhagem tumoral B16F10, a qual é utilizada para a indução experimental de melanoma em camundongos, a concentração de 100 μM é capaz de reduzir suavemente a viabilidade celular. Importante citar que nesta concentração outras células podem apresentar mais sensibilidade que as células tumorais.

Palavras-chave: B16F10. Melanoma cutâneo. Microambiente tumoral.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

ESPECIFICAÇÕES TÉCNICAS DOS CORANTES AZUL DO NILO, AMIDO BLACK, LEISHMANN, MG-GIEMSA, VERDE DE MALAQUITA E VERMELHO NEUTRO EM CULTIVO CELULAR

Pedro Henrique Doleski[1]; Rafaella Pereira da Silveira[2]

[1]Doutor em Bioquimica Toxicológica, Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), Santa Maria-RS, Brasil; [2]Estudante de Graduação em Bacharelado em Ciências Biológicas, Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), Santa Maria-RS, Brasil
*Autor correspondente: ph_doleski@hotmail.com

AT01: Citologia: Estrutura e função celular

RESUMO: Inúmeros corantes celulares são empregados em técnicas laboratoriais como: citologia, histologia, imunohistoquímica, genética, entre outras. O uso destes corantes, ou determinado conjunto de corantes, estão atrelados a quais informações o laboratório clínico ou de pesquisa necessita obter de suas amostras. No geral, colorações apresentam protocolos e POP´s bem estabelecidos na literatura, ou no dia a dia dos laboratórios. Tais colorações podem ser adaptadas e utilizadas também para a avaliação de células mantidas em cultivo celular. Tais técnicas são menos descritas quando comparadas as clássicas técnicas, como a histologia de tecidos parafinizados ou coloração de esfregaços sanguíneos. Assim a intenção deste capítulo de livro é de explorar as interações químicas de seis corantes (*Azul do Nilo, Amido Black 10B, Leishmann, May Grünwald-Giemsa, Verde de Malaquita e Vermelho Neutro*) com determinadas biomoléculas ou estruturas celulares, e a finalidade de cada corante como também a metodologia para coloração de células aderidas em placa de poços ou garrafas mantidas em cultivo celular. Também exploramos a quantificação dos corantes por técnica espectrofotometria. A fim de deixar o capítulo mais didático apresentamos imagens de células de melanoma murino (B16F10) após coloração com os seis corantes descritos.

Palavras-chave: Corantes. Citologia. Cultivo Celular. B16F10. Viabilidade Celular.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

ESTRUTURA E FUNÇÃO CELULAR: UMA REVISÃO NARRATIVA

Maria Gabrielle Marques Ribeiro

Universidade Federal do Maranhão
*Autor correspondente: maria.gabrielle@discente.ufma.br

AT01: Citologia: Estrutura e função celular

INTRODUÇÃO: A Citologia é um ramo da biologia que estuda a função, o comportamento e a estrutura das células, menor unidade funcional e estrutural dos seres vivos. Desde 1665, com a descoberta da célula por Robert Hooke, inovações tecnológicas viabilizaram conhecimentos detalhados dos processos celulares, como transporte de substâncias, respiração, síntese proteica e divisão celular, fundamentais para o desempenho dos organismos. **OBJETIVO:** Realizar uma revisão narrativa sobre as principais funções e estruturas celulares, apontando sua importância não apenas para a biologia, mas também para a saúde, indicando possíveis direções para as futuras pesquisas e aplicações na biotecnologia. **METODOLOGIA:** A revisão narrativa foi fundamentada em artigos científicos encontrados no Google acadêmico, abordando tópicos temáticos como mitose, meiose, integração funcional, organelas, síntese proteica, estrutura celular, respiração, transporte celular e entre organelas. Além disso, foram incluídas discussões críticas a respeito de avanços atuais e possíveis barreiras na área. **RESULTADOS:** A célula apresenta uma organização articulada, com organelas capazes de desempenhar funções específicas e interdependentes. A síntese proteica, por exemplo, envolve os ribossomos, o núcleo, o complexo de Golgi e o retículo endoplasmático, em um conjunto organizado de montagem e entrega. A respiração celular executada pela mitocôndria que gera o ATP, sendo a principal fonte de energia para as atividades vitais. A divisão celular é realizada pela mitose e meiose que possibilita a produção, crescimento e regeneração e o transporte celular que regula a saída e entrada de substâncias, permitindo a homeostase. Dessa forma, progressos como a utilização de inteligência artificial na segmentação celular, a edição genética com CRISPR, análise de células únicas e desenvolvimento de organóides têm possibilitado alternativas de tratamentos. No entanto, obstáculos éticos a respeito da manipulação genética e entendimento da diversidade celular persistem. **CONCLUSÕES:** As funções e estruturas celulares são essenciais para compreensão do organismo como um todo. Seu estudo contribui para o avanço em áreas como saúde pública, medicina e biotecnologia. Estudos futuros devem focar em pesquisas voltadas para CRISPR e organóides para o tratamento de doenças genéticas e câncer, além de modelagem de tecidos humanos. Logo, a junção de conhecimentos fundamentais e progressos tecnológicos são a chave para transformar desafios em soluções éticas e competentes.

Palavras-chave: Biotecnologia. Célula. Divisão. Organelas. Respiração.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

PALETA MOLECULAR: ANÁLISE COMPARATIVA DE CINCO CORANTES CITOLÓGICOS EM CÉLULAS DE MELANOMA MURINO B16F10

Pedro Henrique Doleski[1]; Rafaella Pereira da Silveira[2]

[1]Doutor em Bioquímica Toxicológica, Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), Santa Maria-RS, Brasil; [2]Estudante de Graduação em Bacharelado em Ciências Biológicas, Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), Santa Maria-RS, Brasil
*Autor correspondente: ph_doleski@hotmail.com

AT01: Citologia: Estrutura e função celular.

RESUMO: Este capítulo apresenta uma análise comparativa de cinco corantes citológicos com diferentes especificidades moleculares os quais podem ser aplicados ao estudo de células tumorais de melanoma murino B16F10 e esfregaços tumorais de melanoma. Os corantes selecionados representam diferentes classes químicas e mecanismos de ação: Coomassie Blue R-250, um corante proteico clássico que permite quantificação celular e identificação de estruturas ricas em proteínas; Oil Red O, específico para lipídeos neutros, útil na detecção de acúmulo lipídico intracelular; Ponceau S, corante proteico reversível que preserva a integridade das amostras para análises posteriores; Azul de Bromofenol, indicador de pH com afinidade proteica, capaz de revelar variações no microambiente celular; e Curcumina, corante natural de alta afinidade lipídica. Através de protocolos padronizados, demonstramos como cada corante revela aspectos únicos da biologia tumoral, desde estimativas quantitativas do número de células até a identificação de processos complexos como divisão celular, diferenciação morfológica e distinção entre tipos celulares no microambiente tumoral. A análise comparativa considera não apenas a especificidade molecular de cada corante, mas também fatores práticos como toxicidade, compatibilidade com outras técnicas analíticas e custo-benefício. Através de imagens das colorações evidenciamos que a escolha adequada do corante resulta em análises que auxiliam na defesa dos objetivos clínico-laboratoriais, maximizando as informações extraída das amostras biológicas em avaliação.

Palavras-chave: Corantes. B16F10. Tumor. Melanoma. Flavonoide.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

PROCESSOS CELULARES E ORGANELAS

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

MECANISMOS DE MOTILIDADE CELULAR SOB ÓTICA DIMENSIONAL

Giovanna de Souza Maciel[1]; João Marcos Oliveira da Silva[2]; Angel Mauricio Castro Gamero[3]

[1]Estudante de Graduação em Bacharel em Ciências Biológicas, Universidade Federal de Alfenas (UNIFAL), Alfenas - MG, Brasil; [2]Mestre em Biociências Aplicadas à Saúde pela Universidade Federal de Alfenas (UNIFAL), Alfenas-MG, Brasil; [3]Doutor 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: giovanna.maciel@sou.unifal-mg.edu.br

AT02: Processos celulares e organelas

RESUMO: A motilidade celular, que inclui os processos de migração e invasão, desempenha papéis centrais em diversos eventos fisiológicos e patológicos, como a formação de tecidos durante o desenvolvimento embrionário, a cicatrização de feridas e a metástase tumoral. Esses fenômenos envolvem mecanismos complexos nos quais a célula coordena alterações morfológicas, adesão ao substrato, reorganização do citoesqueleto e resposta a estímulos químicos e mecânicos do microambiente. A análise da motilidade celular pode variar conforme a perspectiva dimensional adotada, evidenciando a complexidade das interações entre as células e seu entorno. Sob uma perspectiva unidimensional, observa-se a predominância da interação célula-matriz, permitindo compreender como a força de tração, a polaridade celular e a remodelação do citoesqueleto direcionam a passagem da célula por barreiras restritas. Em contextos bidimensionais, as células estabelecem simultaneamente interações célula-célula e célula-matriz, destacando a importância da adesão cooperativa, da comunicação intercelular e da remodelação da matriz na promoção da migração e invasão coletiva. Na perspectiva tridimensional, que reflete mais fielmente o microambiente in vivo, barreiras físicas, sinais químicos, propriedades topográficas e a heterogeneidade celular modulam diretamente a plasticidade e a direção da migração, incluindo estratégias adaptativas como a migração lobopodial e o pistão nuclear. Com o objetivo de aprofundar a compreensão desses processos, este trabalho realizou uma revisão de estudos recentes, enfatizando a relevância das interações célula-célula e célula-matriz na regulação da motilidade e da invasão. Os resultados ressaltam a importância de considerar as diferentes dimensões desses fenômenos, destacando suas implicações na progressão tumoral, na disseminação metastática e no desenvolvimento de estratégias terapêuticas capazes de modular de forma precisa a migração e a invasão celular em contextos patológicos.

Palavras-chave: Motilidade celular. Invasão e migração. Metástase.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

OUTRAS ÁREAS DA CITOLOGIA

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

ACHADOS CITOLÓGICOS E ISOLAMENTO DE *Enterococcus faecium* EM LAVADO BRONCOALVEOLAR DE CÃO COM PNEUMONIA

Samuel Pagoto de Souza[1*]; Raphael Assis Leandro de Morais[2]

[1]Faculdade de Medicina Veterinária, Centro Universitário Barão de Mauá, Ribeirão Preto, SP, Brasil: [2]Departamento de Patologia, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia (FMVZ), Universidade de São Paulo (USP), São Paulo, Brazil
*Autor correspondente: samuelps1452@gmail.com

AT04: Outras áreas da citologia

INTRODUÇÃO: A infecção bacteriana por *Enterococcus faecium* pode estar associada a quadros graves de pneumonia em animais, especialmente em casos de imunossupressão ou comorbidades. O exame citológico de lavado broncoalveolar (LBA) é uma ferramenta valiosa para avaliação de processos inflamatórios e infecciosos do trato respiratório, auxiliando no diagnóstico e na identificação de agentes etiológicos. **OBJETIVO:** Relatar os achados citológicos e microbiológicos de um canino, macho, da raça Spitz Alemão, de 8 anos de idade, com pneumonia e histórico de edema pulmonar e dificuldade respiratória. Ademais, destacar a correlação entre os resultados do LBA e a cultura bacteriana. **METODOLOGIA:** Foi realizado um exame citológico a partir de LBA, com coloração pelo método de Panótico Rápido e analisadas em microscopia óptica. Procedeu-se ao exame microbiológico para isolamento bacteriano. **RESULTADOS:** A análise citológica revelou reação inflamatória aguda, caracterizada por neutrófilos íntegros, com rara presença de formas degeneradas e discreta quantidade de linfócitos e macrófagos espumosos. Estruturas compatíveis com bactérias cocoides foram notadas ao fundo da lâmina, sendo raras as formas fagocitadas. O fundo da lâmina apresentava-se preenchido por material amorfo róseo compatível com muco e por debris celulares. A cultura bacteriana confirmou o crescimento de *Enterococcus faecium*. O animal, que já apresentava pneumonia e edema pulmonar, veio a óbito devido à gravidade do quadro. **CONCLUSÕES:** Os achados citológicos foram compatíveis com uma infecção bacteriana aguda, compatível pelo isolamento de *Enterococcus faecium*. Apesar da resposta inflamatória intensa (neutrófilos íntegros). O caso reforça a importância do LBA e da cultura microbiológica no diagnóstico de pneumonias, além de alertar para a patogenicidade de *E. faecium* em infecções respiratórias graves em animais domésticos.

Palavras-chave: Bactérias cocoides. Citologia. Macrófagos espumosos.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

AVALIAÇÃO CITOLÓGICA VAGINAL EM CADELAS

Samuel Pagoto de Souza[1*]; Amanda Marmol[2]; Raphael Assis Leandro de Morais[3]

[1]Faculdade de Medicina Veterinária, Centro Universitário Barão de Mauá, Ribeirão Preto, SP, Brasil; [2]Departamento de Patologia, Reprodução e Saúde Única, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho" (UNESP), Jaboticabal, SP, Brasil; [3]Departamento de Patologia, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia (FMVZ), Universidade de São Paulo (USP), São Paulo, Brazil
*Autor correspondente: samuelps1452@gmail.com

AT04: Outras áreas da citologia

INTRODUÇÃO: A citologia vaginal é um exame diagnóstico utilizado para avaliar o trato genital feminino de cadelas, auxiliando na identificação de patologias e na determinação do ciclo estral. Este ciclo é dividido em quatro fases: anestro, proestro, estro e diestro, reguladas por hormônios como o GnRH, produzido pelo hipotálamo. O anestro é a fase mais longa (4-5 meses), marcada por inatividade reprodutiva e baixos níveis de progesterona. No proestro, ocorre preparação para a cópula, com aumento de estrogênio, edema vulvar e sangramento devido à ruptura de vasos sanguíneos. O estro é o período fértil, caracterizado por ovulação e alterações comportamentais que facilitam o acasalamento. Já o diestro pode resultar em gestação ou, na ausência de fecundação, em luteólise, podendo ainda desencadear gravidez psicológica. **OBJETIVO:** Elucidar a finalidade da citologia vaginal na determinação do ciclo estral de cadelas e patologias. **METODOLOGIA:** Busca de dados nas plataformas Google Acadêmico, Scielo, EBSCO, PubMed e PubVet, em língua inglesa, espanhola e portuguesa. **RESULTADOS:** O procedimento de coleta se baseia no uso de um cotonete umedecido em solução fisiológica inserido na vulva, em seguida rolado em uma lâmina para análise microscópica. Após isso, é realizado coloração com panótico rápido ou Diff-Quick. As células observadas variam conforme a fase do ciclo. As células observadas podem ser epiteliais cornificadas (células escamosas anucleares e superficiais), epiteliais não cornificadas (células parabasais e intermediárias), eritrócitos e polimorfonucleares (PMNs). No anestro moderada quantidade celular, sendo elas não cornificadas e raros PMNs. No proestro inicial, elevadas células não cornificadas, eritrócitos e PMNs. No proestro final, elevada cornificadas com discretos eritrócitos e PMNs. No estro, elevadas cornificadas, sendo 50% destas escamosas anucleares, com discretos eritrócitos e raras bactérias. No diestro, moderados PMNs e não cornificadas. Alterações no padrão celular e a pesença de dististas celularidades podem indicar distúrbios fisiológicos, inflamações ou hemorragias. **CONCLUSÕES:** O exame citológico vaginal é uma ferramenta valiosa para o manejo reprodutivo e diagnóstico de doenças em cadelas.

Palavras-chave: Células epiteliais cornificadas. Ciclo estral. Diagnóstico.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

AVALIAÇÃO DAS ECTOENZIMAS ENTPDASE, E5'NUCLEOTIDASE E EADA EM LINFÓCITOS ESPLÊNICOS DE RATOS COM DIABETES TIPO 2 EXPERIMENTAL

Pietra dos Santos de Oliveria[1*]; Pedro Henrique Doleski[2]

[1]Estudante de Graduação em Ciências Biológicas, Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), Santa Maria-RS, Brasil; [2]Doutor em Ciências Biológicas -Bioquímica Toxicológica pela Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), Santa Maria – RS, Brasil
*Autor correspondente: pietra.oliveira@acad.ufsm.br

AT04: Outras áreas da citologia

INTRODUÇÃO: O diabetes mellitus tipo 2 (DM2) é uma doença metabólica que eleva os níveis de glicose no sangue, ou seja, ocasionando hiperglicemia. Essa condição acarreta defeitos na ação da insulina, causando não apenas resistência a ela, mas também sua secreção inadequada nas células pancreáticas. Além das complicações metabólicas, o DM2 está associado a um estado inflamatório crônico nos tecidos metabólicos periféricos, que é causado pelas células imunológicas, principalmente linfócitos T. Eles se acumulam nesses tecidos e induzem a secreção de citocinas inflamatórias. Isso ocorre devido ao sistema purinérgico, o qual é capaz de regular processos metabólicos que envolvem a sinalização por nucleotídeos, como ATP e seus receptores purinérgicos. As células estressadas ou em dano metabólico liberam ATP extracelular, que ativa os receptores purinérgicos que estão presentes em várias células imunes. A ativação desses receptores promove a proliferação de linfócitos T e a produção de citocinas inflamatórias, agravando a inflamação crônica, prejudicando a ação da insulina e contribuindo para a progressão da DM2**. OBJETIVO:** Avaliar a atividade das enzimas E-NTPDase, 5'-nucleotidase e Ecto-adenosina desaminase (Ecto-ADA) em linfócitos esplênicos de camundongos com diabetes tipo 2. **METODOLOGIA:** Foram administradas doses baixas e repetidas de estreptozotocina (40–60 mg/kg/dia, i.p.) durante cinco dias consecutivos para indução do diabetes tipo 2 em camundongos. Em seguida, os linfócitos foram isolados a partir dos baços dos animais para as análises experimentais. **RESULTADOS:** Quando comparados com os do grupo controle, os linfócitos retirados do baço dos camundongos com DM2 induzido, apresentaram um aumento significativo na hidrólise de ATP e um aumento discreto, porém significativo na hidrólise de ADP, indicando maior atividade da enzima E-NTPDase. A degradação de AMP, por sua vez, não apresentou diferença significativa entre os grupos, sugerindo que a atividade da 5'-nucleotidase, responsável pela conversão de AMP em adenosina, permaneceu inalterada. Por outro lado, a desaminação da adenosina (Ado) foi significativamente elevada nos grupos induzidos, o que refletiu em aumento da atividade da Ecto-ADA. **CONCLUSÕES:** As análises revelam que as ectoenzimas E-NTPDase e Ecto-ADA atuam como biomarcadores, elevando-se na doença induzida. Tais elevações estão possivelmente atreladas a modulações no sistema purinérgico, onde as ectoenzimas regulam uma excessiva sinalização desenvolvida pelo ATP e pela Ado extracelular.

Palavras-chave: Estresse metabólico. Hiperglicemia. Resposta inflamatória.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

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

QUIMIOTAXONOMIA EM PSILOTOPSIDA: CORRELAÇÃO ENTRE DIÓIS E NÚMERO CROMOSSÔMICO EM PSILOTALES E OPHIOGLOSSALES

Flávio Antônio Zagotta Vital[1]*

[1]Universidade Federal de Viçosa (UFV)
*Autor correspondente: flavio.vital@ufv.br

AT04: Outras áreas da citologia

INTRODUÇÃO: A classe Psilotopsida, composta pelas subclasses Psilotales e Ophioglossales, reúne grupos basais de monilófitas que despertam grande interesse evolutivo, devido a simplicidade morfológica e complexidade citogenética. Psilotales compreende cerca de 20 espécies nos gêneros *Psilotum* Sw. e *Tmesipteris* Bernh., apresentando números cromossômicos relativamente baixos em *Psilotum* (2n ≈ 52) e elevados em *Tmesipteris* (2n ≈ 208–210). Ophioglossales, reúne aproximadamente 120 espécies distribuídas em *Ophioglossum L.*, *Botrychium* Sw. e *Helminthostachys Kaulf.*, destacando-se pelos altos números cromossômicos, que vão de níveis intermediários em Botrychium (2n ≈ 90–180) até os valores extremos registrados em Ophioglossum (2n até 1.260), considerados os maiores do reino vegetal. Nesse contexto, a quimiotaxonomia baseada em dióis tem fornecido subsídios relevantes para compreender relações entre evolução genômica e metabolismo secundário. **OBJETIVO:** Revisar a ocorrência de dióis em Psilotopsida, correlacionando o número cromossômico e os padrões químicos como ferramentas para a quimiotaxonomia. **METODOLOGIA:** Foi realizada uma revisão bibliográfica, no periodo de 2000 a 2025. Foram consultadas a bases SciELO, ScienceDirect e SpringerLink, priorizando estudos fitoquímicos que descrevem metabólitos secundários em Psilotales e Ophioglossales. **RESULTADOS:** Os compostos foram organizados em duas categorias: dióis simples, de natureza alifática e glicólica, e dióis fenólicos diversificados, incluindo flavonoides e glicosídeos. Em Psilotales prevalece o padrão de dióis simples. *Psilotum*, com contagem cromossômica de 2n ≈ 52, apresenta majoritariamente glicóis e polióis alifáticos, mantendo um perfil químico conservativo. Em *Tmesipteris*, apesar do número cromossômico mais elevado (2n ≈ 208–210), o metabolismo continua restrito a dióis simples, indicando que a expansão cromossômica não implicou em maior diversificação fitoquímica. Em Ophioglossales predomina o padrão de dióis fenólicos diversificados. *Ophioglossum*, cujos cromossomos atingem valores recordes (2n até 1.260), identificam-se flavonoides diidroxilados como derivados de quercetina e luteolina, além de glicosídeos fenólicos complexos. *Botrychium* apresenta números cromossômicos intermediários (2n ≈ 90–180) acompanhados por glicosídeos fenólicos e flavonoides. *Helminthostachys* (2n ≈ 240) também se associa a compostos fenólicos mais complexos, reforçando a tendência de diversificação metabólica com o aumento da poliploidia. **CONCLUSÕES:** Conclui-se que a distribuição de dióis em Psilotopsida evidencia uma correlação entre o número cromossômico e a complexidade fitoquímica. Em Psilotales, mesmo diante de variações cromossômicas, mantém-se um perfil conservativo de dióis simples, enquanto em Ophioglossales a poliploidia extrema está associada a padrões de maior diversidade metabólica, refletidos nos dióis fenólicos. Os dióis configuram-se como marcadores quimiotaxonômicos que, ao lado da citogenética, contribuem para elucidar o agrupamento pilogenetico de Psilotopsida.

Palavras-chave: Citotaxonomia. Dióis simples. Dióis fenólicos diversificados. Ophioglossum. Marcadores quimiotaxonômicos.

Agradecimentos e financiamento

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

Agradeço à Universidade Federal de Viçosa (UFV), pela excelência acadêmica e pelo ambiente científico que possibilitaram o desenvolvimento desta pesquisa. Estendo meu reconhecimento à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG) pelo apoio financeiro, indispensável para a consolidação deste trabalho e para o fortalecimento da ciência no Brasil.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

REVISÃO DA CITOLOGIA DE LAVADO TRAQUEAL E BRÔNQUICO NA AVALIAÇÃO E DIAGNÓSTICO DE PNEUMONIAS INFECCIOSAS E INFLAMAÇÕES PULMONARES EM BEZERROS

Marcos Vinicius Vidal Silva[1*]

[1]Discente da Universidade Federal de Campina Grande – Unidade Acadêmica de Medicina Veterinária
*Autor correspondente: zzaiffo@gmail.com

AT04: Outras áreas da citologia

INTRODUÇÃO: As doenças respiratórias constituem um desafio sanitário e econômico na bovinocultura, sendo uma importante causa de morbidade e mortalidade em bezerros, demandando diagnóstico preciso. O diagnóstico clínico e radiológico é, muitas vezes, inespecífico para a etiologia. A Citologia de Lavado Traqueal (LT) e Brônquico (LBA) surge como uma ferramenta minimamente invasiva, fornecendo informações celulares diretas sobre a natureza do processo inflamatório (ex: neutrofílico ou misto) e a presença de agentes infecciosos no trato respiratório inferior, permitindo uma terapêutica mais direcionada. **OBJETIVO:** Revisar a aplicação, as técnicas de obtenção, e a interpretação da Citologia de LT e LBA como método de apoio no diagnóstico e prognóstico das pneumonias infecciosas em bezerros. **METODOLOGIA:** Foi realizada uma revisão de literatura utilizando as bases de dados PubMed, Scielo e Google Scholar. Os descritores utilizados incluíram: "Citologia de Lavado Traqueal", "Pneumonia Bovina", "Bezerros" e "Patologia Clínica". Foram selecionados artigos originais, revisões e relatos de caso que abordassem a aplicação do exame citológico no contexto da doença respiratória de bezerros. **RESULTADOS:** A revisão demonstrou que a Citologia de LT e LBA permite a diferenciação de padrões inflamatórios chave: neutrofílico supurativo (típico de infecções bacterianas agudas), macrofágico (sugerindo cronicidade), e eosinofílico (associado a parasitoses ou hipersensibilidade). Além disso, a presença de ciliócitoforia ou a identificação de corpos de inclusão intracitoplasmáticos sugerem infecções virais (como o Vírus Sincicial Respiratório Bovino). A identificação de mais de 70% de neutrófilos frequentemente correlaciona-se com a necessidade de intervenção antibiótica. A técnica se mostra valiosa para o monitoramento prognóstico, indicando a resolução da inflamação ou a progressão da doença. **CONCLUSÃO**: A Citologia de Lavado Traqueal e Brônquico é uma ferramenta diagnóstica útil na rotina clínica de bovinos jovens. Sua capacidade de classificar o tipo de resposta celular e identificar indícios etiológicos aumenta significativamente a precisão diagnóstica das pneumonias infecciosas, tornando-a um recurso viável para otimizar o manejo e o controle da saúde respiratória em rebanhos.

Palavras-chave: Bovinocultura. Citopatologia. Doenças de bezerros.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

REVISÃO SOBRE A CITOLOGIA DE LINFONODOS NO AUXÍLIO AO DIAGNÓSTICO DIFERENCIAL DA LINFADENITE TUBERCULOSA E OUTRAS AFECÇÕES GRANULOMATOSAS EM BOVINOS

Marcos Vinicius Vidal Silva[1*]

[1]Discente da Universidade Federal de Campina Grande – Unidade Acadêmica de Medicina Veterinária
*Autor correspondente: zzaiffo@gmail.com

AT04: Outras áreas da citologia

INTRODUÇÃO: A linfadenite em bovinos é um achado comum na inspeção post mortem, sendo a tuberculose bovina (TB) uma das afecções granulomatosas mais importantes devido ao seu impacto zoonótico e econômico. Contudo, outras condições como linfadenites bacterianas não-tuberculosas, actinobacilose ou até neoplasias podem simular as lesões da TB. O diagnóstico in vivo pode ser demorado. A Citologia de Linfonodos por Punção Aspirativa por Agulha Fina (PAAF) é uma técnica minimamente invasiva, rápida e de baixo custo, podendo fornecer indícios etiológicos e classificar a natureza da inflamação (supurativa, piogranulomatosa ou granulomatosa) de forma imediata. **OBJETIVO:** Revisar o uso da Citologia de Linfonodos por PAAF na diferenciação entre a linfadenite tuberculosa e outras causas de linfadenopatia granulomatosa ou inflamatória em bovinos. **METODOLOGIA:** Foi conduzida uma revisão de literatura utilizando bases de dados científicas como PubMed, Scielo e Google Scholar. Os descritores chave utilizados incluíram: "Citologia de Linfonodos", "Punção Aspirativa", "Tuberculose Bovina" e "Linfadenite Granulomatosa". Foram selecionados trabalhos que abordavam a correlação entre os achados citológicos e a etiologia confirmada por cultura ou histopatologia em bovinos. **RESULTADOS:** A revisão demonstrou que o padrão celular na citologia é um guia essencial. Linfadenites de origem bacteriana não-tuberculosa frequentemente exibem um padrão supurativo-neutrofílico, enquanto a TB e a actinobacilose tendem a apresentar um padrão piogranulomatoso, caracterizado por neutrófilos, macrófagos, e células gigantes multinucleadas. A presença desses macrófagos e células gigantes em abundância, com necrose de fundo, é altamente sugestiva de reação granulomatosa, indicando a necessidade urgente de testes confirmatórios (cultura, PCR). A citologia serve, portanto, como uma ferramenta de triagem de alta sensibilidade, auxiliando na tomada de decisão sobre quais animais devem ser submetidos a testes mais caros e demorados. **CONCLUSÃO**: A Citologia de Linfonodos por PAAF é um recurso diagnóstico valioso e subutilizado na Patologia de Bovinos. Sua capacidade de distinguir o tipo celular predominante em tempo real oferece um forte suporte para o diagnóstico diferencial de linfadenopatias granulomatosas, otimizando o manejo sanitário de rebanhos e a vigilância de doenças de notificação

Palavras-chave: Bovinocultura. Citopatologia. Zoonose.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

REVISÃO SOBRE A CITOLOGIA ENDOMETRIAL NO DIAGNÓSTICO DE ENDOMETRITE SUBCLÍNICA EM VACAS LEITEIRAS: UMA FERRAMENTA DE MANEJO REPRODUTIVO

Marcos Vinicius Vidal Silva[1*]

[1]Discente da Universidade Federal de Campina Grande – Unidade Acadêmica de Medicina Veterinária
*Autor correspondente: zzaiffo@gmail.com

AT04: Outras áreas da citologia

INTRODUÇÃO: A Endometrite Subclínica (ES) é uma das principais causas de infertilidade e falhas reprodutivas em vacas leiteiras, gerando enormes perdas econômicas na bovinocultura. Caracterizada pela ausência de sinais clínicos evidentes de inflamação uterina, a ES é frequentemente subdiagnosticada, atrasando o tratamento e o retorno da vaca à ciclicidade. A Citologia Endometrial (CE) surge como a ferramenta padrão-ouro para o diagnóstico in vivo da ES. Baseia-se na contagem de células polimorfonucleares (PMN) em swabs ou citobrush, fornecendo um indicador quantitativo e objetivo da inflamação intrauterina. **OBJETIVO:** Revisar sobre a aplicação da Citologia Endometrial, destacando as técnicas de coleta, os limiares diagnósticos de células polimorfonucleares e a importância desta ferramenta para o manejo reprodutivo de rebanhos leiteiros com Endometrite Subclínica. **METODOLOGIA:** Foi realizada uma revisão de literatura utilizando as plataformas PubMed, Scielo e Google Scholar. Os descritores utilizados, em português e inglês, incluíram: "Citologia Endometrial", "Endometrite Subclínica", "Vacas Leiteiras" e "Células Polimorfonucleares". Foram selecionados estudos de caso, artigos originais e revisões que estabeleciam a correlação entre a porcentagem de PMN e o desempenho reprodutivo. **RESULTADOS:** Os achados demonstram que o diagnóstico de ES é estabelecido quando a porcentagem de células PMN no lavado ou cytobrush endometrial excede um limiar crítico, geralmente fixado entre 5% e 18% após 21-42 dias pós-parto, dependendo da técnica de coleta. A CE é superior à histopatologia por ser menos invasiva e mais rápida, e à cultura bacteriana por ser mais representativa da inflamação. A detecção precoce de vacas positivas permite a intervenção terapêutica imediata, melhorando as taxas de concepção e diminuindo o intervalo entre partos. **CONCLUSÃO**: A Citologia Endometrial é uma ferramenta diagnóstica indispensável e acessível para o manejo sanitário reprodutivo em vacas leiteiras. Sua alta sensibilidade e objetividade na identificação da Endometrite Subclínica garantem que o produtor possa tomar decisões de manejo informadas, otimizando a eficiência reprodutiva do rebanho e minimizando as perdas econômicas associadas à infertilidade.

Palavras-chave: Bovinocultura. Fertilidade. Infertilidade.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

GENÉTICA MOLECULAR E HUMANA

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

ALTERAÇÕES NUCLEARES NA IDENTIFICAÇÃO CRIMINAL: REVISÃO DE LITERATURA

Matheus Amaral Fernandes da Silva[1]; Dácio Dacliélio Tenório da Silva[2]; Marcos Antonio Nobrega de Sousa[3]

[1]Licenciando em Ciências Biológicas, Universidade Estadual da Paraíba-UEPB/CCBS; [2]Licenciando em Ciências Biológicas, Universidade Federal de Campina Grande – UFCG/CSTR/UACB; [3]Doutor em Genética pela Universidade de São Paulo – USP/ Professor Associado da Universidade Federal de Campina Grande – UFCG/CSTR/UACB

*Autor correspondente: matheusamral26@gmail.com

AT05: Genética molecular e humana

INTRODUÇÃO: As alterações nucleares são de grande importância na identificação criminal, em especial na genética forense. A análise de marcadores genéticos do DNA nuclear, como STRs e SNPs, é amplamente utilizada para a identificação de indivíduos a partir de amostras biológicas, mesmo em condições de degradação. **OBJETIVO:** O objetivo principal desta revisão de literatura é sintetizar os principais métodos, aplicações, limitações e tendências no uso de alterações nucleares na identificação criminal. **METODOLOGIA:** A pesquisa foi realizada nas bases de dados Semantic Scholar, PubMed e Google Scholar, utilizando os termos "alterações nucleares", "identificação criminal" e "DNA nuclear". Foram inicialmente identificados 976 artigos, dos quais restaram 722 após a triagem inicial e a remoção de duplicatas. Destes, 395 foram selecionados para leitura, e os 50 estudos considerados de maior qualidade e pertinência compuseram a análise final desta revisão. **RESULTADOS:** No campo da genética, a análise de DNA nuclear por meio de STRs e SNPs permanece como o padrão-ouro para a identificação individual em amostras biológicas forenses. O uso de kits multiplex modernos e o enriquecimento por captura de sondas têm aumentado a sensibilidade e a especificidade das análises, especialmente em amostras degradadas. Estudos de caso demonstram o sucesso dessas abordagens em diferentes contextos, como a validação de kits multiplex com DNA nuclear e mitocondrial, a identificação de indivíduos a partir de vestígios biológicos (sangue, saliva, sêmen e impressões digitais) e a resolução de casos complexos de parentesco pelo uso de marcadores X-STR e Y-STR em situações de incesto, ausência de amostras maternas ou desastres em massa. Apesar desses avanços, ainda persistem desafios significativos relacionados à padronização dos métodos e à necessária integração multidisciplinar entre especialistas forenses, agências de segurança e autoridades legais. **CONCLUSÕES:** As alterações genéticas nucleares constituem ferramentas essenciais para a identificação criminal moderna. Os avanços tecnológicos ampliaram a robustez das investigações e se mostram cruciais para a análise forense. O campo encontra-se em constante evolução, com tendências voltadas à automação, à integração de técnicas multiômicas e ao desenvolvimento de protocolos internacionais. Entretanto, a plena eficácia dessas metodologias depende da superação de desafios contínuos, incluindo a integração entre diferentes áreas de especialização e a interpretação de dados cada vez mais complexos. Esses avanços não apenas elevam a precisão pericial, mas também reforçam a legitimidade dos processos judiciais, promovendo justiça, segurança pública e confiança social.

Palavras-chave: Averiguação criminal. DNA mitocondrial. DNA nuclear.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

DNA AMBIENTAL (E-DNA) NA INVESTIGAÇÃO FORENSE

Matheus Amaral Fernandes da Silva[1]; Dácio Dacliélio Tenório da Silva[2]; Marcos Antonio Nobrega de Sousa[3]

[1]Licenciando em Ciências Biológicas, Universidade Estadual da Paraíba-UEPB/CCBS; [2]Licenciando em Ciências Biológicas, Universidade Federal de Campina Grande – UFCG/CSTR/UACB; [3]Doutor em Genética pela Universidade de São Paulo – USP/ Professor Associado da Universidade Federal de Campina Grande – UFCG/CSTR/UACB

*Autor correspondente: matheusamral26@gmail.com

AT05: Genética molecular e humana

INTRODUÇÃO: O DNA ambiental (e-DNA) é o material genético liberado por organismos no ambiente, o qual pode ser recuperado de diversas fontes, como superfícies, poeira, água, solo e ar. Assim, emerge como uma ferramenta inovadora na investigação forense, permitindo a identificação de seres humanos, animais, plantas e microrganismos presentes em um dado local. Os avanços em técnicas de sequenciamento e extração aumentaram a sensibilidade das análises, viabilizando a detecção de perfis de DNA, humano e não humano. O e-DNA contribui não só para a identificação de suspeitos, mas também para a determinação da proveniência de amostras e a reconstrução de eventos criminais. **OBJETIVO:** O objetivo desta revisão de literatura é sintetizar as principais descobertas, aplicações, limitações e tendências emergentes relacionadas ao uso do e-DNA na ciência forense. **METODOLOGIA:** A pesquisa foi realizada nas bases de dados Semantic Scholar, PubMed e Google Scholar. Foram utilizados os termos de busca "DNA ambiental", "investigação forense" e "metabarcoding", que resultaram na identificação inicial de 1.019 artigos. Após a remoção de duplicatas e a exclusão de trabalhos considerados de baixa relevância para o tema, restaram 422 registros. Destes, foram selecionados os 50 artigos de maior pertinência para a análise final. **RESULTADOS:** Os dados demonstram que o e-DNA pode ser utilizado para identificar a presença de indivíduos em um ambiente, rastrear a origem geográfica de amostras e elucidar casos em que vestígios biológicos convencionais estão ausentes. Também é possível recuperar e-DNA de superfícies tocadas, poeira, água e solo, sendo que técnicas avançadas, como o sequenciamento de nova geração (NGS) e o metabarcoding, são cruciais para analisar amostras com baixa quantidade de DNA. No entanto, sua aplicação rotineira ainda é limitada diante da rápida degradação ambiental, do risco de contaminação cruzada e da complexidade na interpretação de perfis mistos. **CONCLUSÕES:** O e-DNA representa uma fronteira promissora na investigação forense, ampliando as possibilidades de coleta e análise de vestígios biológicos. Suas aplicações incluem a identificação de suspeitos a partir de vestígios de solo ou plantas em roupas, o rastreamento da origem de medicamentos falsificados e a localização de corpos em ambientes aquáticos. Embora persistam desafios técnicos, interpretativos e éticos, a tendência é de expansão do uso do e-DNA, impulsionada pela integração de abordagens multiômicas (DNA, RNA e microbioma), pelo avanço das ferramentas bioinformáticas e pelo progressivo enfrentamento das questões legais e éticas associadas.

Palavras-chave: Averiguação forense. DNA no ambiente. Sequenciamento de alto rendimento.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

MICRORNAS DA REGULAÇÃO METABÓLICA NA GESTAÇÃO: INTEGRAÇÃO DE GENÔMICA E PROTEÔMICA PLACENTÁRIA

Iago Prina Rocha[1*]; Norma Lopes de Magalhães Velasco Basto[2]; Valdirene Leão Carneiro[3]

[1]Instituto de Ciências da Saúde (ISC)/Universidade Federal da Bahia (UFBA); [2]Departamento de Saúde II (DSII)/Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia (UESB); [3]Departamento de Ciências da Vida (DCV)/ Universidade do Estado da Bahia (UNEB)
*Autor correspondente: iagoprina@hotmail.com

AT05: Genética Molecular e humana

INTRODUÇÃO: Os microRNAs (miRNAs) são pequenos RNAs não codificantes que regulam a expressão gênica pós-transcricional e desempenham papel central no equilíbrio imunológico materno-fetal. Na regulação metabólica, diversos miRNAs atuam modulando vias de sinalização relacionadas à homeostase da glicose e ao metabolismo lipídico. Por exemplo, miR-29 e miR-223 estão implicados no controle da sensibilidade à insulina e no metabolismo de ácidos graxos, influenciando a adaptação fisiológica da gestação ao aumento da demanda energética. **OBJETIVO:** analisar como os miRNAs modulam a resposta imunológica na gestação e sua relação com complicações obstétricas. **METODOLOGIA:** Trata-se de uma revisão da literatura, foram consultadas as bases científicas eletrônicas: BVS; SciELO e PUBMED, utilizando-se dos descritores: "gestação"; "microRNAs"; "metabolismo", utilizou-se o operador boleano "AND" para o cruzamento dos descritores. Excluiu-se aqueles que não atenderam aos critérios de inclusão: idiomas português e inglês, recorte temporal de 2016 a 2025; critérios de exclusão: artigos não disponíveis na íntegra. **RESULTADOS:** Durante a gravidez saudável, miRNAs como miR-146a e miR-210 estão envolvidos na supressão de respostas pró-inflamatórias e na promoção da tolerância imunológica. Alterações no perfil de expressão desses reguladores foram associadas à pré-eclâmpsia, restrição de crescimento intrauterino e abortamento recorrente. A integração de dados genômicos e proteômicos placentários fortalece a compreensão dos efeitos dos miRNAs no ambiente gestacional. A genômica permite identificar variantes genéticas e perfis de expressão de miRNAs específicos da placenta, enquanto a proteômica revela como essas alterações se traduzem em modificações funcionais nas proteínas envolvidas no metabolismo e na sinalização celular. A placenta é uma fonte importante de miRNAs, secretando-os em exossomos que interagem com células maternas, modulando a angiogênese, a função endotelial e a resposta imune. Estudos recentes indicam que miRNAs circulantes podem servir como biomarcadores não invasivos para detecção precoce de complicações gestacionais. A análise desses perfis moleculares poderia contribuir para identificar gestantes de risco, permitindo intervenções precoces e estratégias de prevenção mais direcionadas. A proteômica possibilita a identificação e quantificação de proteínas expressas na placenta, revelando assinaturas moleculares associadas à saúde e à doença. **CONCLUSÕES:** Conclui-se que a compreensão dos mecanismos de ação dos miRNAs na gestação abre novas perspectivas para diagnóstico, prognóstico e terapias personalizadas. A genômica permite o mapeamento de informações sobre predisposição genética associada a risco aumentado de complicações gestacionais, possibilitando abordagens preventivas e personalizadas, enquanto os dados da proteômica revela alterações dinâmicas relacionadas ao estado fisiológico ou patológico.

Palavras-chave: Doença. Gestação. Gene. Metabolismo.

Agradecimentos e financiamento

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

Agradecimentos aos sujeitos do PPGIm do ICS-UFBA que colaboram com as pesquisas e discussões, 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.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

O DNA ESPERMÁTICO EM FOCO: A FRAGMENTAÇÃO COMO FERRAMENTA DIAGNÓSTICA NA ANÁLISE DA FERTILIDADE MASCULINA

Mel Braz Barcellos Cunha[1]; Lincoln Bastos Farias Junior[2]; Amanda Conceição Pimenta Salles[3]; Mariana Duque de Mello[4]; Paula Fontoura Coelho de Souza[5]; Isabela Resende Pereira[6]

[1]Graduada em Biomedicina pela Universidade Federal Fluminense (UFF), Niterói - RJ; [2]Mestre pela Universidade Federal do Rio de Janeiro (UFRJ), Rio de Janeiro - RJ; [3]Mestre pela Universidade Federal Fluminense (UFF), Niterói - RJ; [4]Mestre pela Fundação Oswaldo Cruz (FIOCRUZ), Rio de Janeiro - RJ; [5]Doutora pela Universidade Estadual do Rio de Janeiro (UERJ), Rio de Janeiro - RJ; [6] Professora Doutora na Universidade Federal Fluminense (UFF), Niterói, - RJ.
Autor correspondente: melbrazbiomed@gmail.com

AT05: Genética Molecular e humana

RESUMO: A infertilidade conjugal afeta uma parcela significativa da população reprodutiva, sendo atribuída ao fator masculino em aproximadamente 50% dos casos. Houve um aumento nas pesquisas quanto aos exames que podem ser feitos além do espermograma. Os testes complementares para averiguar a qualidade seminal são muitos, neste trabalho, o foco foi o teste de fragmentação do DNA espermático. Esta revisão narrativa de literatura aborda os métodos mais comuns utilizados para medir a fragmentação do DNA, enfatizando a importância de cada um no campo das análises clínicas e da reprodução humana assistida, como: TUNEL, ensaio cometa, teste de dispersão da cromatina espermática (SCD) e ensaio de estrutura da cromatina espermática (SCSA). A busca foi realizada nas bases PubMed, Scielo e Google Acadêmico, considerando publicações entre 2015 e 2025. Os resultados indicam que o TUNEL apresenta alta sensibilidade e pode ser realizado por citometria de fluxo ou microscopia de fluorescência. O Ensaio Cometa, apesar de ser uma técnica detalhada para detecção de diferentes tipos de danos no DNA, requer operadores experientes. O SCD destaca-se pela simplicidade e baixo custo, tornando-se uma opção viável para laboratórios menores. Já o SCSA permite uma análise automatizada de grande volume via citometria de fluxo, sendo amplamente utilizado em centros de reprodução assistida, embora exija equipamentos especializados. Conclui-se que a análise da fragmentação do DNA espermático influencia diretamente a escolha dos tratamentos de reprodução assistida, como fertilização *in vitro* (FIV) e injeção intracitoplasmática de espermatozoides (ICSI), além de orientar estratégias para redução do estresse oxidativo e seleção espermática. A implementação desses testes na rotina laboratorial pode melhorar o diagnóstico da infertilidade masculina e personalizar condutas clínicas, otimizando as chances de sucesso dos tratamentos.

Palavras-chave: Análise seminal. Integridade genômica. Infertilidade masculina. Reprodução assistida. Biomarcadores espermáticos.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

TECNOLOGIAS DE SEQUENCIAMENTO DE NOVA GERAÇÃO (NGS) NA INVESTIGAÇÃO CRIMINAL

Matheus Amaral Fernandes da Silva[1]; Dácio Dacliélio Tenório da Silva[2]; Marcos Antonio Nobrega de Sousa[3]

[1]Licenciando em Ciências Biológicas, Universidade Estadual da Paraíba-UEPB/CCBS; [2]Licenciando em Ciências Biológicas, Universidade Federal de Campina Grande – UFCG/CSTR/UACB; [3]Doutor em Genética pela Universidade de São Paulo – USP/ Professor Associado da Universidade Federal de Campina Grande – UFCG/CSTR/UACB

*Autor correspondente: matheusamral26@gmail.com

AT05: Genética molecular e humana

INTRODUÇÃO: O Sequenciamento de Nova Geração (NGS) representa uma revolução na genética molecular e forense, pois supera as limitações das técnicas tradicionais e permite a análise simultânea de múltiplos marcadores genéticos com alta sensibilidade e rendimento, possibilitando a obtenção de informações detalhadas a partir de DNA nuclear, mitocondrial e outros marcadores. Apesar desse potencial, a técnica ainda enfrenta desafios importantes, como os altos custos, a falta de padronização dos processos e a necessidade de integração com bancos de dados já existentes. **OBJETIVO:** Esta revisão de literatura busca sintetizar as aplicações, benefícios, limitações e perspectivas futuras do uso do NGS na investigação criminal. **METODOLOGIA:** A pesquisa foi realizada nas bases de dados Semantic Scholar, PubMed e Google scholar. A estratégia de busca utilizou termos relacionados a NGS, genética forense e investigação criminal. Inicialmente, foram identificados 1.018 registros. Após a remoção de duplicatas, retaram 481 registros. Deste total, 186 foram considerados para análise, mas foram selecionados apenas os 50 artigos de maior relevância sobre o assunto. **RESULTADOS:** O NGS aumenta significativamente o rendimento e a resolução da análise genética ao permitir a avaliação simultânea de milhões de fragmentos de DNA, incluindo STRs, SNPs, mtDNA e outros marcadores em um único ensaio. A tecnologia mostra-se especialmente eficaz em amostras degradadas, de baixa quantidade ou em misturas complexas, possibilitando a identificação de indivíduos, inclusive gêmeos monozigóticos, além da inferência de ancestralidade biogeográfica e de características fenotípicas, como cor dos olhos e cabelo. O NGS também viabiliza a análise de microbiomas e a estimativa do intervalo pós-morte em cenas de crime. Entre os principais desafios para sua ampla adoção destacam-se o custo elevado, a falta de padronização, a necessidade de treinamento em bioinformática e as preocupações éticas com a privacidade genética. Ainda assim, sua implementação tende a apresentar bom custo-benefício ao aumentar a taxa de resolução de crimes. **CONCLUSÕES:** O NGS está transformando a investigação criminal ao ampliar a capacidade de análise genética e introduzir novas aplicações forenses, demonstrando robustez e precisão. Apesar da tendência de adoção crescente, sua aceitação judicial em larga escala ainda depende de validação, diretrizes e consenso internacional, além de enfrentar barreiras técnicas, financeiras e éticas. Ainda assim, a expansão de aplicações emergentes, como genealogia genética investigativa, epigenética e metagenômica, aponta para o potencial de o NGS consolidar-se como padrão em laboratórios forenses no futuro próximo.

Palavras-chave: Averiguação criminal. Genética forense. Sequenciamento de alto rendimento.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

GENÉTICA CLÍNICA E DIAGNÓSTICO DE DOENÇAS GENÉTICAS

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

APLICAÇÃO DO ACONSELHAMENTO GENÉTICO NA REPRODUÇÃO HUMANA ASSISTIDA

Gabrielle da Silva Brugger[1]

[1]Universidade Federal de Juiz de Fora
*Autor correspondente: gabrielle.brugger@estudante.ufjf.br

AT06: Genética clínica e diagnóstico de doenças genéticas

INTRODUÇÃO: O aconselhamento genético é uma ferramenta da genética médica para se estudar a genética humana frente a identificação dos riscos de doenças genéticas e a questões reprodutivas. Essa ferramenta investiga o histórico familiar do casal e avalia as possibilidades por meio de exames genéticos para fornecer informações para a tomada de decisão da família. Pensando nisso, profissionais que atuam na reprodução buscam se utilizar dessa ferramenta para garantir resultados satisfatórios para o bem estar dos seus pacientes e conseguir uma gravidez saudável. **OBJETIVO:** Definir o aconselhamento genético e sua aplicação como ferramenta na reprodução humana assistida. **METODOLOGIA:** Foi realizada uma revisão de literatura em vinte trabalhos publicados entre os anos de 2014 a 2024 em bases de dados como Scielo, Pubmed e BVS, usando os descritores genética clínica, aconselhamento genético, reprodução e ética. **RESULTADOS:** O aconselhamento genético visa o controle do risco sobre as ocorrências e recorrências de doenças genéticas, que adota uma série de critérios para sua aplicação aos pacientes. Esse serviço dentro de saúde em genética clínica é fundamental para identificação precoce de doenças que, principalmente, não deixam que o blastocisto evolua, o que causa uma grande quebra de expectativa para a família que está no processo da reprodução assistida, sendo o exame de cariótipo uma ferramenta complementar ao serviço. Além disso, este serviço de saúde também é utilizado como forma de orientação às famílias que possuem histórico de doenças hereditárias, sendo parte essencial no processo reprodutivo. Sua utilização vai além do contexto saúde-doença, pois abarca famílias com histórico de abortos por repetição, mulheres com mais de trinta e sete anos, além de ser uma ferramenta importante para o diagnóstico genético pré-implatacional, como forma de se obter sucesso em um processo de fertilização in vitro. Há muito receio acerca do retorno da eugenia vinculado a essa área, mas é importante ressaltar que sua aplicação está restrita para fins voltados à saúde. **CONCLUSÕES:** O aconselhamento genético é uma ferramenta importante para a promoção da saúde e bem-estar dos pacientes em processo de reprodução assistida, tanto para levar informação quanto como um apoio durante o processo.

Palavras-chave: Diagnóstico. Genética clínica. Saúde.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

PLATAFORMAS E ESTRATÉGIAS DE VACINAS CONTRA O HIV, DEMONSTRAM SEGURANÇA E SINAIS DE IMUNOGENICIDADE/EFICÁCIA?

Dácio Dacliélio Tenório da Silva[1]; Taiane Martins Alves[2]; Marcos Antonio Nobrega de Sousa[3]

[1,2]Estudante de Graduação em Licenciatura em Ciências Biológicas, Universidade Federal de Campina Grande – UFCG/CSTR/UACB; [3]Doutor em Genética pela Universidade de São Paulo – USP/ Professor Associado da Universidade Federal de Campina Grande – UFCG/CSTR/UACB
*Autor correspondente: daciosilva90@gmail.com

AT06: Genética clínica e diagnóstico de doenças genéticas

INTRODUÇÃO: O desenvolvimento de uma vacina eficaz contra o HIV continua sendo um dos maiores desafios da saúde global. Desde 2015, têm sido testadas várias plataformas, como: vetores virais, vacinas de DNA e mRNA, proteínas recombinantes e combinações prime-boost heterólogas. Esses estudos demonstraram segurança e indução de respostas imunológicas, mas ainda não foi alcançada uma eficácia protetora consistente, como evidenciado pelos ensaios HVTN 702 e Imbokodo. **OBJETIVO:** O estudo teve como objetivo sintetizar as evidências recentes sobre vacinas contra o HIV testadas em humanos a partir de 2015, avaliando a segurança, a imunogenicidade e a eficácia protetora das principais plataformas e estratégias utilizadas em ensaios clínicos. **METODOLOGIA:** Foi conduzida uma revisão abrangente de literatura em bases indexadas incluindo Semantic Scholar, PubMed, google scholar e periodicos capes. Essa busca utilizou apenas ensaios clínicos randomizados, com uma janela de tempo dos últimos 10 anos, até agosto de 2025. Foram identificados 957 artigos, dos quais 464 foram triados após remoção de duplicatas e resumos incompletos. Desses, 229 estudos foram avaliados quanto à relevância, e os 50 artigos mais relevantes foram incluídos na revisão. A estratégia de busca abrangeu termos relacionados a plataformas vacinais, estratégias prime-boost, adjuvantes e características de segurança, imunogenicidade e eficácia em ensaios clínicos com humanos. **RESULTADOS:** As vacinas avaliadas apresentaram perfil de segurança favorável, com eventos adversos leves a moderados, sendo raros os casos graves relacionados à intervenção. Em termos de imunogenicidade, praticamente todos os regimes induziram respostas humorais (anticorpos IgG contra gp120/gp140, inclusive região V1V2) e celulares (CD4+ e CD8+), com taxas de resposta acima de 90% para anticorpos de ligação e entre 30–80% para respostas celulares. O uso de adjuvantes como MF59 e AS01B potencializaram a magnitude das respostas. Apesar desses resultados, grandes ensaios de eficácia, como HVTN 702 e Imbokodo, não evidenciaram proteção relevante contra a infecção pelo HIV. Estudos de vacinas terapêuticas mostraram segurança e melhora de respostas imunes, mas não impediram o rebote viral após a suspensão do tratamento antirretroviral. Novas abordagens, como vacinas de mRNA, alcançaram provas de conceito em humanos, mas ainda não resultaram em eficácia clínica comprovada. **CONCLUSÕES:** Os ensaios clínicos com vacinas contra o HIV demonstraram avanços importantes, especialmente em termos de segurança e imunogenicidade. Contudo, a ausência de eficácia protetora consistente reforça os desafios impostos pela diversidade viral e pela dificuldade em induzir anticorpos amplamente neutralizantes em humanos. Embora novas tecnologias mostrem potencial, a busca por uma vacina eficaz contra o HIV permanece uma prioridade da saúde pública global.

Palavras-chave: Ensaios clínicos. Resposta imunológica. Vacinas de HIV. Vacinas de mRNA.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

SÍNDROME DE WOLF-HIRSCHHORN: UMA REVISÃO DE LITERATURA SOBRE ASPECTOS CLÍNICOS, DIAGNÓSTICOS E TERAPÊUTICOS

Pedro Cambuy de Azevedo[1]; Guilherme Siqueira Alves Moreira[2*], Giovanni Fernandes Zorneta[3], Guilherme Garcia Santos[4], Fábio de Assis Pinto[5]

[12345]Universidade de Taubaté
*Autor correspondente: pedrocambuyazevedo@gmail.com

AT06: Genética clínica e diagnóstico de doenças genéticas

INTRODUÇÃO: A Síndrome de *Wolf-Hirschhorn* (WHS) foi descrita em 1961 por Kurt Hirschhorn e Ulrich Wolf, e é caracterizada pela deleção do braço curto do cromossomo 4, especificamente em 4p16.3. Apresenta uma prevalência estimada entre 1:20.000 a 1:50.00 nascimentos, com maior predomínio em mulheres do que homens (2:1), e maior taxa de mortalidade em período neonatal. Os sintomas clínicos mais notórios são as convulsões recorrentes, além do atraso no desenvolvimento, marcha deficiente, dificuldade no controle de esfíncteres, presença de condições cardíacas congênitas e outras condições oftalmológicas e auditivas, impactando diretamente a qualidade de vida dos portadores dessa síndrome. **OBJETIVO:** Revisar a literatura existente sobre a WHS a fim de reunir informações sobre sintomas, diagnóstico e tratamento para proporcionar assim uma melhor compreensão da síndrome. **METODOLOGIA:** O presente estudo trata-se de uma revisão bibliográfica de escopo. Foram realizadas buscas nas bases de dados *PUBMED, Web of Science* e Periódicos da CAPES utilizando as **palavras-chave:** Síndrome de Wolf-Hirschhorn. Deleção 4p e Deleção 4p16. 3. **RESULTADOS:** A revisão evidenciou que os sintomas da WHS estão especificamente relacionados à ausência de genes. com as convulsões sendo atreladas à microdeleções de DNA na região LET-7B. os atrasos no desenvolvimento relacionados a WHSC1. disfunções no ciclo celular atrelados a WHSC2. assimetria facial relacionada à MSX1 e as condições cardíacas congênitas à FGFLR1. O diagnóstico deve ser confirmado por técnicas citogenéticas. como cariótipo. FISH e a técnica (atualmente tida como padrão-ouro) array-CGH. sendo necessário realizar o diagnóstico diferencial com outras síndromes genéticas. como a Síndrome de Pitt Rogers-Danks. Em relação ao tratamento. o principal objetivo é mitigar as crises epilépticas a fim de promover melhoras na qualidade de vida. com destaque para o uso de antiepilépticos de amplo espectro. especialmente clobazam. levetiracetam e lamotrigina. Ensaios clínicos recentes apresentaram também o Canabidiol como um potencial terapêutico para os afetados. As carboxamidas como carbamazepina. fenitoína e oxcarbazepina foram relacionadas a pouco efeito ou até agravo das crises. sendo contra indicadas. **CONCLUSÕES:** a WHS possui um quadro clínico complexo. com manifestações graves que afetam o desenvolvimento dos pacientes. Embora haja uma limitação na expectativa de vida em decorrência das complicações associadas. avanços no diagnóstico e no tratamento vêm permitindo diagnósticos mais precoces e abordagens cada vez mais eficazes. impactando positivamente a qualidade de vida dos portadores da síndrome.

Palavras-chave: Deleção cromossômica. Diagnóstico genético. Síndrome de Wolf-Hirschhorn.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

SURDEZ NEUROSSENSORIAL CONGÊNITA ASSOCIADA AO GENE BRANCO (W) EM FELINOS DOMÉSTICOS

Clara Dantas Ferreira[1]

[1]Centro universitário Maurício de Nassau
*Autor correspondente: Tlaraakakii068@gmail.com

AT06: Genética clínica e diagnóstico de doenças genéticas

INTRODUÇÃO: A surdez neurossensorial congênita em gatos domésticos (*Felis catus*) está fortemente associada ao fenótipo de pelagem branca e olhos azuis, sendo causada principalmente pela ação do alelo autossômico dominante W (White). Esse alelo exerce efeito epistático sobre os demais genes de coloração da pelagem, mascarando totalmente sua expressão, e apresenta penetrância incompleta e expressividade variável no que se refere à surdez. O mecanismo fisiopatológico relaciona-se à supressão da migração e sobrevivência de melanoblastos durante a embriogênese. A ausência ou deficiência de melanócitos explica tanto a pelagem branca quanto a coloração azul da íris, e afeta criticamente a estria vascular da cóclea, responsável pela geração do potencial endococlear, indispensável para a transdução do som. A degeneração precoce da estria vascular, que ocorre entre a primeira e a terceira semana de vida, leva à morte secundária de células ciliadas e neurônios espirais, estabelecendo uma perda auditiva neurossensorial irreversível. **OBJETIVO:** Revisar os principais mecanismos genéticos, embriológicos e fisiopatológicos associados à surdez congênita em felinos brancos, além de discutir suas implicações práticas para a criação seletiva e o bem-estar animal. **METODOLOGIA:** Foi realizada uma revisão narrativa da literatura nas bases PubMed, SciELO, Periódicos CAPES e Google Acadêmico, utilizando descritores como "surdez em gatos", "gene branco dominante", "degeneração coclear" e "melanócitos da estria vascular". Foram priorizados artigos originais, revisões, teses e dissertações publicados preferencialmente nas últimas duas décadas, sendo excluídos os estudos duplicados ou sem foco na surdez neurossensorial. **RESULTADOS:** Os achados demonstraram que gatos homozigotos (W/W) apresentam maior risco de surdez bilateral, atingindo até 85% dos casos, enquanto gatos heterozigotos (W/w) exibem prevalência intermediária, muitas vezes com surdez unilateral. A cor dos olhos constitui um marcador fenotípico relevante: gatos de olhos azuis bilaterais apresentam risco elevado de surdez bilateral, gatos com heterocromia apresentam maior probabilidade de surdez unilateral no lado do olho azul, e gatos de olhos amarelos ou verdes apresentam risco significativamente menor, o que sugere migração parcial de melanoblastos e maior preservação coclear. O diagnóstico clínico mais preciso é obtido por meio do exame de Potencial Evocado Auditivo do Tronco Encefálico (BAER), considerado padrão-ouro e recomendado especialmente para animais destinados à reprodução. **CONCLUSÕES:** O gene W é fator etiológico estabelecido para a surdez congênita em felinos, sendo a variabilidade de penetrância e expressividade responsável pelo espectro de manifestações clínicas. O aconselhamento genético torna-se essencial para orientar criadores, reduzir a incidência da deficiência e promover práticas de criação mais responsáveis, assegurando melhor qualidade de vida à população felina.

Palavras-chave: Estria vascular. Felinos. Gene W. Melanócitos. Surdez congênita.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

OUTRAS ÁREAS DA GENÉTICA

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

DIETA DE *Sparisoma frondosum* REVELADA POR METABARCODING EM DOIS RECIFES BRASILEIROS

Leila Osvaldina Nascimento de Santana[1*]; Juliana Beltramin de Biasi[1]; Carlos Werner Hackradt[1]; Fabiana Cézar Félix Hackradt[1]

[1]Laboratório de Ecologia e Conservação Marinha; Universidade Federal do Sul da Bahia, Porto Seguro, Bahia
*Autor correspondente: leila.santana@csc.ufsb.edu.br

AT08: Outras áreas da genética

INTRODUÇÃO: Os budiões exercem papel-chave na manutenção de recifes ao modular a cobertura algal e a bioerosão. Atualmente, cinco espécies de budiões brasileiros constam na Lista Nacional Oficial de Espécies da Fauna Ameaçadas de Extinção (Portaria MMA nº 148/2022), o que enfatiza a necessidade de proteção e monitoramento desse grupo, cuja população foi reduzida nas últimas décadas principalmente pela exploração pesqueira. Devido à dieta que inclui alimentos microscópicos, a identificação taxonômica de itens consumidos por Sparisoma frondosum por análises visuais do conteúdo estomacal é dificultada, podendo levar a resultados subjetivos, carecendo de descrições em alta resolução. **OBJETIVO:** Caracterizar, via metabarcoding, a composição alimentar de *S. frondosum* e comparar padrões entre duas localidades: Fernando de Noronha, PE (FN) e Parcel de Manuel Luís, MA (PML). **METODOLOGIA:** Foram analisados conteúdos estomacais de 13 indivíduos amostrados entre março e setembro de 2023. O DNA foi extraído e sequenciado com marcadores 16S (cianobactérias), 18S (eucariotos fotossintéticos), rbcL (Chlorophyta) e COI (metazoários, com ênfase em corais). As leituras foram processadas em pipeline DADA2/QIIME2; as ASVs foram atribuídas a bases de referência e organizadas para análises de abundância relativa, nMDS (Bray–Curtis), PERMANOVA e PERMDISP. **RESULTADOS:** Foram detectadas 2.200 ASVs atribuídas a 27 filos, 76 classes, 187 ordens, 324 famílias, 478 gêneros e 474 espécies. No recorte de 90% da contribuição relativa por localidade, a dieta foi dominada por Chloropicaceae em ambos os ambientes, porém mais intensa em FN (87,3%) do que em PML (74,0%). Dictyotaceae compôs a fração secundária (FN: 2,26%; PML: 9,08%), seguida por Diploneidaceae em FN (1,42%) e por Corallinaceae (4,26%) e Halimedaceae (1,65%) em PML, entre outras. O número de famílias para atingir 90% foi 3 em FN e 6 em PML, indicando dieta relativamente restrita. Em nível de espécie, *Chloropicon roscoffensis* foi dominante em ambos os locais (FN: 45,1%; PML: 65,1%), com coocorrência de *C. sieburthii* e *Dictyota dichotoma*. A nMDS evidenciou separação entre localidades (stress = 0,061), confirmada por PERMANOVA ($R^2 = 0,358$; $F = 6,134$; $p = 0,001$), sem diferenças na dispersão (PERMDISP: $F = 0,423$; $p = 0,529$). **CONCLUSÕES:** *S. frondosum* apresenta dieta microfágica centrada em Chloropicaceae. Em FN predomina o gênero *Chloropicon*, enquanto no PML há maior participação relativa de *Dictyota* e algas calcárias, indicando flexibilidade trófica e diferenças espaciais na composição alimentar, com implicações para o manejo de recifes.

Palavras-chave: Budião. Ecologia alimentar. Herbivoria. Peixes-papagaio. Recifes tropicais.

Agradecimentos e financiamento
Agradecemos à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela bolsa concedida. Agradecemos ainda ao Projeto Budiões (budioes.org) e à Petrobras, por meio do Programa Petrobras Socioambiental, pelo apoio financeiro e logístico.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

USO DO ITS2 COMO FERRAMENTA DE DISCRIMINAÇÃO DE TUBARÕES MARTELO

Tiago Sousa de Farias[1*]; Luciana Almeida Watanabe Castro[2]; Luis Fernando da Silva Rodrigues Filho[2]

[1]Programa de Pós-graduação em Aquicultura e Recursos Aquáticos Tropicas/Universidade Federal Rural da Amazônia (UFRA), Campus Belém, Pará, Brasil; [2]Universidade Federal Rural da Amazônia, Campus Capanema, Pará, Brasil.
*Autor correspondente: tiagosousafarias22@gmail.com.

AT08: Outras áreas da genética

INTRODUÇÃO: Uma grande quantidade de tubarões em um grau de ameaça nacionalmente, como os tubarões martelos (gênero *Sphyrna* Rafinesque, 1810) é comercializada em mercados de peixe ao longo do litoral amazônico brasileiro, porém, o comércio ocorre de forma descaracterizazada (sem cabeça, nadadeiras e cauda e eviscerado) popularmente chamados de "charuto", dificultando a identificação correta das espécies. **OBJETIVO:** Para sanar o problema da identificação imprecisa desses animais, objetivamos usar a eletroforese em gel de agarose da região nuclear espaçadora não transcrita 2 (ITS2) como ferramente discriminatória dos tubarões martelos. **METODOLOGIA:** Foi realizada a extração do DNA genômico de 12 amostras de tecido de espécies de tubarão comercializadas no litoral amazonico brasileiro, sendo elas alvo (tubarões-martelo= cinco amostras) ou não alvo do estudo (gênero *Carcharhinus* = 6 amostras e *Rhizoprionodon* = uma amostra). O DNA extraido dessas amostras foi amplificada via reação em cadeia da polimerase (PCR) da região nuclear espaçadora não transcrita 2 (ITS2). **RESULTADOS:** Os produtos desse PCR foram submetidos à eletroforese em gel de agarose a 1.5%, e posteriormente submetidos à luz ultravioleta para ser foto documentado a fim de verificar sua qualidade e perfil de bandeamento estabelecido para o ITS. O emprego do marcador ITS2 se mostra eficiente na discriminação das cincco amostras de tubarões do gênero *Sphyrna*, uma vez que o amplicon para essas espécies de *Sphyrna* ficou entre 700pb e 1000pb, e as sete amostras de tubarões de outros gêneros (*Carcharhinus* e *Rhizoprionodon*) usados no estudo ficaram acima de 1000pb. **CONCLUSÕES:** A aplicação do ITS2 na identificação de comércio de tubarões do gênero *Sphyrna*, se mostra uma ferramenta eficaz para discriminar as espécies de tubarões martelos, que estão ameaçadas de conservação nacionalmente, das demais espécies de tubarões comercializadas no litoral amazônico brasileiro.

Palavras-chave: Comércio de Peixe. Genética Forense. Pescado Descaracterizado.

Agradecimentos e financiamento
Os autores agradecem ao Laboratório de Evolução (LEVO) da Universidade Federal do Pará (UFPA) pelo auxílio logístico para a realização deste estudo.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

EXPRESSÃO GÊNICA E REGULAÇÃO

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

ALTERAÇÕES MOLECULARES E IMUNOLÓGICAS ASSOCIADAS À DEMODICOSE EM CÃES: REVISÃO DE LITERATURA

Carolina Ribeiro Rossan[1]

[1]FAM- Faculdade De Americana.
*Autor correspondente: carolinarossan@fam.edu.br

AT09: Expressão gênica e regulação

INTRODUÇÃO: A demodicose canina é uma dermatopatia inflamatória causada pela proliferação excessiva do ácaro *Demodex canis*, que em condições normais habita a pele de forma comensal. Estudos recentes sobre expressão gênica têm demonstrado que a progressão da doença está fortemente associada a mecanismos de modulação imunológica do hospedeiro. **OBJETIVO:** O presente trabalho teve como objetivo analisar os principais achados sobre a expressão gênica e os mecanismos imunomodulatórios envolvidos na demodicose canina, buscando compreender como as vias inflamatórias e imunes contribuem para a persistência do *Demodex canis* em cães domésticos. **METODOLOGIA:** Este estudo foi conduzido por meio de uma revisão bibliográfica realizada entre agosto e outubro de 2025, nas bases de dados PubMed e SciELO, utilizando-se os descritores: "imunomodulação", "expressão gênica", "Demodex canis" e "veterinária". Foram inicialmente identificados 36 artigos científicos, dos quais 22 atenderam aos critérios de inclusão: publicações em inglês ou português, disponíveis na íntegra, e que abordassem diretamente os aspectos imunológicos ou moleculares da demodicose canina. Foram excluídos estudos duplicados, resumos de eventos, revisões sem metodologia definida e pesquisas que tratavam apenas da abordagem clínica da doença sem análise molecular. A análise dos dados foi realizada de forma comparativa, destacando os genes, citocinas e vias sinalizadoras mais frequentemente associados à patogênese. **RESULTADOS:** Os estudos evidenciaram que, por meio de análises de RT-qPCR, cães com demodicose generalizada apresentaram aumento significativo na expressão dos genes TLR2, TGF-β e IL-10 em células mononucleares do sangue periférico. Em contrapartida, nas lesões cutâneas observou-se a diminuição de TLR6, sem alterações expressivas em TGF-β e IL-10, sugerindo respostas imunes distintas entre os compartimentos teciduais e sistêmicos. Outros estudos relataram aumento da expressão de moléculas de checkpoint imunológico, como PD-1, PD-L1 e CTLA-4, associadas à regulação negativa da ativação de linfócitos T, resultando em uma resposta imune exaurida e ineficaz contra o parasita. **CONCLUSÕES:** Conclui-se que a demodicose canina é marcada por um desequilíbrio imunológico complexo, em que mecanismos ativadores e inibitórios atuam simultaneamente. A compreensão desses processos é fundamental para o desenvolvimento de novas terapias imunomodulatórias, capazes de restaurar a resposta imune efetiva e contribuir para o tratamento e controle da doença.

Palavras-chave: Citocinas regulatórias. Expressão gênica. Tolerância imunológica.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

MECANISMOS EPIGENÉTICOS ASSOCIADOS AO MICROBIOMA INTESTINAL MATERNO

Iago Prina Rocha[1*]; Norma Lopes de Magalhães Velasco Basto[2]; Valdirene Leão Carneiro[3]

[1]Instituto de Ciências da Saúde (ISC)/Universidade Federal da Bahia (UFBA); [2]Departamento de Saúde II (DSII)/Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia (UESB); [3]Departamento de Ciências da Vida (DCV)/ Universidade do Estado da Bahia (UNEB)
*Autor correspondente: iagoprina@hotmail.com

AT09: Expressão gênica e regulação

INTRODUÇÃO: O desenvolvimento embrionário e fetal é regulado por uma interação complexa entre fatores genéticos, epigenéticos e ambientais. Entre os fatores ambientais, a nutrição materna exerce papel determinante na modulação da microbiota intestinal e, consequentemente, na oferta de nutrientes essenciais ao crescimento. O microbioma intestinal materno atua como um modulador ativo de processos epigenéticos, fornecendo metabólitos e cofatores que interagem diretamente com o epigenoma do hospedeiro. Microrganismos intestinais metabolizam fibras e polifenóis, produzindo ácidos graxos de cadeia curta (AGCC), como acetato, propionato e butirato, que exercem funções imunomodulatórias e epigenéticas. Além disso, a microbiota intestinal sintetiza vitaminas do complexo B, como o folato, fundamentais para processos de metilação do DNA que envolve a transferência de grupos metil para a citosina em regiões promotoras de genes, geralmente levando ao silenciamento transcricional. **OBJETIVO:** discutir o papel da microbiota intestinal materna na modulação epigenética do desenvolvimento fetal. **METODOLOGIA:** Trata-se de uma revisão da literatura, foram consultadas as bases científicas eletrônicas: BVS; SciELO e PUBMED, utilizando-se dos descritores: "gestação"; "microbioma"; "microbiota intestinal"; "epigenética", utilizou-se o operador boleano "AND" para o cruzamento dos descritores. Excluiu-se aqueles que não atenderam aos critérios de inclusão: idiomas português e inglês, recorte temporal de 2016 a 2025; critérios de exclusão: artigos não disponíveis na íntegra. **RESULTADOS:** Durante a gestação o microbioma intestinal materno sofre alterações fisiológicas significativas, refletindo adaptações às demandas metabólicas da gravidez e, ao mesmo tempo, exercendo influência direta sobre o desenvolvimento fetal por meio da transferência metabólica e imune. Evidências crescentes demonstram que esse microbioma produz metabólitos bioativos capazes de alterar padrões epigenéticos no feto, como a metilação do DNA, modificações de histonas e regulação por microRNAs. Essas alterações epigenéticas não modificam a sequência do DNA, mas influenciam na expressão gênica, impactando a homeostase metabólica e a predisposição a doenças como obesidade, diabetes e síndrome metabólica. A composição da microbiota intestinal pode influenciar a expressão de perfis específicos de miRNAs envolvidos em processos metabólicos e inflamatórios. Alguns metabólitos produzidos pela microbiota intestinal, como ácidos graxos de cadeia curta, participam da modulação do sistema imune materno, influenciando no desenvolvimento do sistema imunológico do feto. Assim, a gestação fisiológica é caracterizada por um equilíbrio dinâmico entre microbiota, sistema imunológico e metabolismo, em que a modificação da flora intestinal desempenha papel essencial no sucesso reprodutivo. **CONCLUSÕES:** A compreensão dos mecanismos epigenéticos mediados pelo microbioma intestinal materno oferece oportunidades para prevenção de doenças crônicas maternas e fetais.

Palavras-chave: Genética. Gestação. Microbiota. Microbiota Intestinal.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

Agradecimentos e financiamento

Agradecimentos aos sujeitos do PPGIm do ICS-UFBA que colaboram com as pesquisas e discussões, 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.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

O PAPEL DO HPV NO CÂNCER DE COLO DE ÚTERO: UMA REVISÃO DE LITERATURA SOBRE MECANISMOS GENÉTICOS RESPONSÁVEIS PELA ONCOGÊNESE

Geovana Ferraz Bizarria[1]; Mariana Minante Khalil; Rafael da Silva Clemente[1]; Beatriz Benevente Correa[1]; Guilherme Romão Morais Martins[1]; Isabela Gonçalves Caris[1]; Lucas Jaalouk Andraus[1]; Pedro Wouters[1]; Maria Izabela Marques do Nascimento[1]; Ana Carolina Barbosa Padovan[2]

[1]Graduando (a) de Medicina na Universidade Federal de Alfenas (UNIFAL) - Alfenas, Minas Gerais, Brasil; [2]Doutora em Microbiologia e Imunologia pela Universidade Federal de São Paulo (UNIFESP) e docente na Universidade Federal de Alfenas (UNIFAL) - Alfenas, Minas Gerais, Brasil.
*Autor correspondente: geovana.bizarria@sou.unifal-mg.edu.br

AT09: Expressão gênica e regulação

RESUMO: O câncer de colo do útero é uma neoplasia que afeta significativamente a população feminina mundial, com alta mortalidade em países em desenvolvimento. A infecção persistente por Papilomavírus Humano (HPV), principalmente dos genótipos de alto risco HPV-16 e HPV-18, é a principal causa do desenvolvimento desse câncer. As oncoproteínas virais E6 e E7 desempenham papel crucial na oncogênese ao inativar proteínas supressoras de tumor como p53 e pRb, promovendo desregulação do ciclo celular e instabilidade genômica. Realizou-se uma revisão integrativa da literatura utilizando a base de dados PubMed, com os descritores como "*human papillomavirus*", "*uterine cervical cancer*", "*cervical keratinocytes*", "*gene expression*", "*DNA integration*" e "*E6 and E7 proteins*". Foram incluídos artigos originais e revisões publicados entre 2020 e 2025, com seleção final de 19 estudos conforme protocolo PRISMA. Os dados extraídos foram organizados em matriz para análise crítica. Os estudos selecionados destacaram que a integração do DNA viral no genoma hospedeiro resulta em super expressão das oncoproteínas E6 e E7, levando à degradação de p53 e inativação de pRb. Evidências indicam ainda a participação de fatores celulares, como o oncogene YAP1 e a proteína AIB1, na progressão tumoral. Além disso, mecanismos epigenéticos, incluindo metilação do DNA e regulação por lncRNAs, colaboram para a persistência da infecção e desenvolvimento do câncer cervical. Alterações na resposta imune, por meio da via CXCL10-CXCR3 e expressão de PD-L1, favorecem a evasão tumoral. A resistência à quimioterapia também foi associada à ativação do gene TMEM45A em células HPV positivas. A oncogênese induzida pelo HPV envolve um complexo conjunto de interações entre proteínas virais e celulares, alterações genéticas e epigenéticas que promovem a progressão do câncer cervical. A compreensão aprofundada desses mecanismos revela potenciais biomarcadores e alvos terapêuticos promissores, essenciais para o desenvolvimento de estratégias de prevenção e tratamento mais eficazes contra essa importante neoplasia.

Palavras-chave: Câncer de colo de útero. Expressão gênica. Oncogênese. Papilomavírus humano.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

REGULAÇÃO GÊNICA DO METABOLISMO DO CÁLCIO EM VACAS LEITEIRAS NO PERÍODO DE TRANSIÇÃO

Rutiele Silveira[1]; Laura de Souza Soares[1]; Natiel Braga Furtado[1]; Nicoly Leal Valadão[1]; Henrique da Rosa Feijó[1]; Stefane Gabriela Bork Soares[1]; Tereza Caxias de Oliveira[1]; Raiane de Moura da Rosa[1]; Wesley Silva da Rosa[1]; Milene Lopes dos Santos[1]

[1]Universidade Federal de Pelotas
*Autor correspondente: silveirarutiele@gmail.com

AT09: Expressão gênica e regulação

INTRODUÇÃO: O período periparturiente de vacas leiteiras é uma fase desafiadora para os animais, sendo caracterizada por diversas alterações fisiológicas e metabólicas. Durante esse período, a demanda por cálcio aumenta significativamente devido à lactação e à mobilização óssea que predispõe à ocorrência de hipocalcemia, e suas consequências na saúde e desempenho animal. **OBJETIVO:** Elucidar os principais genes relacionados ao metabolismo de cálcio no período de transição de vacas leiteiras. **METODOLOGIA:** Para este estudo, foi realizada uma revisão de literatura acerca de genes que regulam o metabolismo de cálcio em vacas leiteiras no período de transição, bem como os sistemas de atuação. As bases de dados consultadas incluem *Google Scholar*, *PubMed*, *Scopus* e *Web of Science*, utilizando palavras-chave como "*dairy cow*", "*calcium metabolism*", "*gene expression*". Foram incluídos artigos publicados entre 2000 e 2025 que abordassem a expressão gênica em intestino, rim, osso e glândula mamária de vacas leiteiras. **RESULTADOS:** No intestino, os genes TRPV6, Calbindina-D9k e PMCA1b participam da absorção de cálcio, sendo ativados pela ação do calcitriol em condições de deficiência. Já no rim, a reabsorção de cálcio é regulada pelos genes TRPV5 e Calbindina-D28k, ambos modulados por paratormônio e calcitriol, sendo TRPV5 também induzido por acidificação sanguínea. Nos ossos, principal reservatório de cálcio, a hipocalcemia estimula a ação do paratormônio, que ativa o gene RANKL, responsável por promover a diferenciação de osteoclastos e a liberação de cálcio para a corrente sanguínea. Por fim, na glândula mamária, a elevada demanda de cálcio para a produção de leite está associada à expressão dos genes PMCA2 e SPCA1, importantes para o transporte e secreção desse mineral para o leite. **CONCLUSÕES:** A expressão de genes em diferentes tecidos, como intestino, rim, osso e glândula mamária, é essencial para manter a homeostase do cálcio em vacas leiteiras no período de transição. Alterações nesse equilíbrio podem predispor os animais à hipocalcemia, impactando negativamente na saúde, produção e reprodução. A identificação dos principais genes envolvidos nesse processo permite a compreensão do metabolismo mineral e pode contribuir para o desenvolvimento de estratégias nutricionais e de manejo voltadas à prevenção de distúrbios metabólicos.

Palavras-chave: Hipocalcemia. Mecanismos moleculares. Periparto.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

GENÔMICA E PROTEÔMICA

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

APLICAÇÕES DA GENÔMICA COMPARATIVA E PREDIÇÃO ESTRUTURAL NA ELUCIDAÇÃO DE MECANISMOS DE RESISTÊNCIA ANTIMICROBIANA

Ruana Carolina Cabral da Silva[1]

[1]Universidade Federal da Grande Dourados/MS
*Autor correspondente: ruanacarolina08@gmail.com

AT10: Genômica e proteômica

INTRODUÇÃO: No cenário da saúde, a crescente emergência de bactérias multirresistentes representa um dos maiores desafios da saúde pública contemporânea. Nesse contexto, a bioinformática tem se consolidado como ferramenta estratégica buscando compreender os mecanismos moleculares de resistência antimicrobiana e possibilitando análises em diferentes níveis biológicos e clínicos. **OBJETIVO:** Revisar as principais contribuições da bioinformática na investigação da resistência antimicrobiana, destacando avanços em genômica comparativa, anotação funcional e modelagem estrutural. **METODOLOGIA:** Trata-se de uma revisão narrativa da literatura. A busca bibliográfica foi realizada em bases reconhecidas, incluindo PubMed, SciELO e Google Scholar, através de descritores, incluindo: "genômica comparativa", "anotação funcional", "modelagem estrutural" e "docking molecular", conectadas através dos operadores booleanos "AND" e "OR". Foram considerados artigos publicados no intervalo entre 2020 e 2024, de forma a contemplar tanto contribuições fundacionais quanto avanços recentes. Ao todo, 12 artigos foram selecionados para análise, considerando como critérios de inclusão: publicações que discutissem diretamente o uso de ferramentas bioinformáticas aplicadas à resistência antimicrobiana. **RESULTADOS:** Diferentes pesquisas abordam a identificação de determinantes genéticos associados à resistência, bem como exploram potenciais compostos inibitórios por meio de análises estruturais ou otimização de compostos já conhecidos. Observou-se que a associação de bioinformática e biologia molecular tem favorecido a descoberta de biomarcadores preditivos e o desenvolvimento de novas estratégias terapêuticas. Esse corpo de conhecimento demonstra a relevância crescente da bioinformática como aliada no enfrentamento da resistência antimicrobiana e aponta perspectivas promissoras para a inovação no tratamento de diferentes infecções. **CONCLUSÕES:** A bioinformática se mostra indispensável no estudo da resistência antimicrobiana, ao integrar análises genômicas, funcionais e estruturais ajudam a acelerar os estudos envolvendo a resistência antimicrobiana. Essa convergência de ferramentas tem ampliado a capacidade de prever impactos de mutações em alvos terapêuticos e propor novas alternativas de tratamento. Os achados reforçam que investir em pesquisas bioinformáticas é essencial para antecipar tendências de resistência, orientar políticas de saúde pública e acelerar a descoberta de estratégias terapêuticas mais eficazes.

Palavras-chave: Bionformática. Biologia Estrutural. Microrganismos multirresistentes.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

CARACTERIZAÇÃO DO GENOMA MITOCONDRIAL DE *Penicillium bilaiae* (Ascomycota; Eurotiales)

Gizela Ferreira Matos[1]; Priscila Martins de Assis[1], Renan Rodrigues Rocha[1.3], Davi Filipe Pimenta de Oliveira[1.], Luiz Guilherme Pereira Pimentel[2], Karine Frehner Kavalco[1.3], Rubens Pasa[13]

[1]Universidade Federal de Viçosa, Rio Paranaíba, MG; [2] Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, MG; [3] Universidade de Mogi das Cruzes, Mogi das Cruzes, SP
*Autor correspondente: kavalco@ufv.br

AT10: Genômica e proteômica

INTRODUÇÃO: *Penicillium bilaiae*, pertencente ao gênero *Penicillium*, incluído na ordem Eurotiales. O gênero *Penicillium* é um grupo considerado diverso e cosmopolita, sendo relatado em diferentes ambientes, como no ártico, Antártica, deserto, e até mesmo no espaço. O grupo tem importância industrial, clínica e agrícola. Diante da relevância econômica do gênero, é de suma importância uma maior compreensão acerca de suas espécies. Os genomas mitocondriais (mitogenomas) podem ser ferramentas fundamentais para ampliar o conhecimento sobre uma espécie, sendo empregados para investigar relações filogenéticas, estudar a evolução e a genômica. **OBJETIVO:** O objetivo deste trabalho foi descrever o mitogenoma completo da espécie *P. bilaiae*. **METODOLOGIA:** Para isso, montamos e anotamos o mitogenoma através de bibliotecas de DNA-seq advindas do *Sequence Read Archive* (SRR1797395), mantidas pelo *European Nucleotide Archive (ENA)*. Os dados brutos obtidos foram importados para plataforma Galaxy Europe, onde por meio da ferramenta NOVOplasty v.4.3.1 realizamos a montagem do mitogenoma, utilizando como *seed* uma sequência de *citocromo oxidase subunidade 1(cox1)* (JN626058.1) da própria espécie. Em seguida, utilizamos três ferramentas para anotação: MITOS2 V.2.19, Mfannot e GeSeq V. 2.3, da plataforma Chlorobox, utilizando como referência o genoma mitocondrial completo de *Penicillium citrinum* (MK919205.1). Foi feito um consenso manual com as três anotações e, quando necessário, os genes foram alinhados contra suas contrapartes em metagenomas de *Penicillium* disponíveis no NCBI, para corrigir junções de exons e íntrons. Por último, a imagem circular do mitogenoma foi gerada na plataforma Proksee. **Resultado:** *Penicillium bilaiae* apresentou um mitogenoma circular de 28.159 pares de base (pb) e conteúdo GC de 24,37%, contendo os 15 genes codificadores de proteína (PCGs) padrões do filo Ascomycota. Ademais, inclui 28 RNAs transportadores (tRNAs), sendo desses 14 de cópia única, 4 duplicados (*trnaK, trnaG, trnaS* e *trna*R) e 2 triplicados (*trnaM* e *trnaL*). Além disso, dois RNAs ribossomais (rRNAs), *rrnaS e rrnaL*, integram o mitogenoma, sendo que o *rrnaL* contém um íntron, comumente encontrado em *Penicillium*. Semelhantemente a outros fungos filamentosos, foi notada a presença de dois argumentos densos de tRNAs mitocondriais ladeados pelos genes *cox3*, *rrnaL* e *cox1*. **Conclusão:** Esse estudo teve êxito em descrever o primeiro genoma mitocondrial completo da espécie *P. bilaiae*, contribuindo para ampliar o conhecimento acerca da estrutura e organização deste tipo de genoma na espécie e gênero.

Palavras-chave: DNA. Fungos. Genes. Mitogenoma.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

ENTRE ESCAMAS E NUCLEOTÍDEOS: PRIMEIRA DESCRIÇÃO DO GENOMA MITOCONDRIAL DE *Podarcis carbonelli*

Vinícius Gonçalves de Miranda[1*]; Davi Filipe Pimenta de Oliveira[2]; Fabiano Bezerra Menegídio[3]; Igor Henrique Rodrigues-Oliveira[4]; Iuri Batista da Silva[5]; Caroline Garcia[6]; Rubens Pasa[7]; Karine Frehner Kavalco[8]

[1,4,7,8]Universidade Federal de Viçosa - Campus Rio Paranaíba; [2]Universidade Federal de Viçosa - Campus Viçosa, [3]Universidade de Mogi das Cruzes; [5]Universidade Federal de Minas Gerais; [6]Universidade do Sudeste da Bahia – Campus Jequié
*Autor correspondente: viniciusgoncalvesdemiranda90@gmail.com

AT10: Genômica e proteômica

INTRODUÇÃO: O lagarto-de-parede-de-Carbonell (*Podarcis carbonelli*) é uma espécie endêmica da porção ocidental da Península Ibérica, com distribuição fragmentada em ambientes frescos e úmidos de Portugal e Espanha. Nos últimos anos, o genoma mitocondrial (mitogenoma) tem se tornado uma ferramenta valiosa para ampliar a compreensão sobre a diversidade e evolução das espécies. Isso se deve, entre outros fatores, à sua alta taxa de cópias por célula, o que facilita sua obtenção por sequenciamento, e à presença de genes conservados, que favorecem análises comparativas e filogenéticas. **OBJETIVO:** O objetivo deste estudo foi descrever o mitogenoma de *P. carbonelli*, visando ampliar a compreensão genômica sobre a espécie. **METODOLOGIA:** A montagem e anotação do mitogenoma foram realizadas a partir de sequências de DNA-Seq obtidas do *Sequence Read Archive* (código de acesso: SRR14009417) do *National Center for Biotechnology Information* (NCBI). Esses dados foram importados para a plataforma *Galaxy Europe*, onde foi utilizada a ferramenta *GetOrganelle* v1.7.7.1 para a montagem do genoma, utilizando como semente o gene parcial da subunidade 1 da citocromo oxidase (COI) da própria espécie (código de acesso: MN015066), com parâmetros padrão. A anotação do genoma foi realizada com o MITOS2 v2.1.9, também disponível na plataforma, utilizando os parâmetros: *Genetic code* = *Vertebrate* (2) e *Reference data*: RefSeq89 Metazoa. Por fim, a visualização do diagrama foi feita por meio da ferramenta *GenomeVx*. **RESULTADOS:** Foi observado que o mitogenoma de *P. carbonelli* possui 17.068 pares de base (pb), com um conteúdo GC de 38,49%. Foram identificados 13 genes codificadores de proteínas (PCGs), dois RNAs ribossômicos (rRNAs), 22 RNAs transportadores (tRNAs) e uma região não codificadora (*D-loop*) com 1.627 pb. Além disso, foi recuperada a origem de replicação da fita leve (*OL*), com 26 pb, localizada entre os genes de RNA transportador de asparagina (tRNA-Asp) e RNA transportador de cisteína (tRNA-Cys), na fita pesada, ao contrário da localização típica na fita leve entre esses mesmos tRNAs. **CONCLUSÕES:** Como a composição genômica observada está de acordo com o padrão esperado para mitogenomas de vertebrados, e arranjos envolvendo a *OL* já foram registrados em mitogenomas de répteis. Pode-se concluir que este estudo conseguiu descrever o primeiro genoma mitocondrial completo de *P. carbonelli*, 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: Arranjo mitocondrial. Lacertidae. Mitogenoma.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

MONTAGEM DO PRIMEIRO GENOMA MITOCONDRIAL DE *Archaeolacerta bedriagae* UTILIZANDO A FERRAMENTA *MEGAHIT*

Vinícius Gonçalves de Miranda[1*]; Davi Filipe Pimenta de Oliveira[2]; Fabiano Bezerra Menegídio[3]; Igor Henrique Rodrigues-Oliveira[4]; Iuri Batista da Silva[5]; Caroline Garcia[6]; Rubens Pasa[7]; Karine Frehner Kavalco[8]

[1,4,7,8]Universidade Federal de Viçosa - Campus Rio Paranaíba; [2]Universidade Federal de Viçosa - Campus Viçosa, [3]Universidade de Mogi das Cruzes; [5]Universidade Federal de Minas Gerais; [6]Universidade do Sudeste da Bahia – Campus Jequié
*Autor correspondente: viniciusgoncalvesdemiranda90@gmail.com

AT10: Genômica e proteômica

INTRODUÇÃO: O lagarto-da-rocha de Bedriaga (*Archaeolacerta bedriagae*) é uma espécie endêmica da Europa, com distribuição restrita às ilhas Córsega (França), Sardenha (Itália) e algumas ilhotas próximas. Nos últimos anos, o estudo do genoma mitocondrial (mitogenoma, mtDNA) tem contribuído significativamente para o avanço na compreensão dos organismos vivos. Isso se deve, entre outros fatores, à presença de genes altamente conservados e à baixa taxa de recombinação, que favorecem análises comparativas e filogenéticas. **OBJETIVO:** O objetivo deste estudo foi descrever o mtDNA de *A. bedriagae* visando ampliar a compreensão genômica sobre a espécie. **METODOLOGIA:** A montagem e anotação do mitogenoma foram realizadas a partir de sequências de DNA-Seq obtidas do *Sequence Read Archive* (SRR14009418) do *National Center for Biotechnology Information* (NCBI). Os dados foram importados para a plataforma *Galaxy Europe*, onde foi utilizada a ferramenta *MEGAHIT* v1.2.9, com parâmetros padrão. Após a montagem, os *scaffolds* foram filtrados com base no tamanho esperado para mitogenomas (14–20 kb) e analisados por meio do *NCBI BLAST+blastn* v2.14.1 e *Parse Mitochondrial Blast* v1.0.2, que identificaram o *scaffold* contendo o mtDNA da espécie-alvo. A anotação foi realizada com o *MITOS2* v2.1.9, utilizando os parâmetros: *Genetic code* = Vertebrate (2) e *Reference data* = RefSeq89 Metazoa. A visualização do diagrama foi feita com a ferramenta *GenomeVx*. **RESULTADOS:** O mitogenoma de *A. bedriagae* possui 17.061 pares de base (pb), com conteúdo GC de 38,03%. Foram identificados 13 genes codificadores de proteínas (PCGs), dois RNAs ribossômicos (rRNAs), 22 RNAs transportadores (tRNAs) e uma região não codificadora (*D-loop*) com 1.504 pb. Também foi recuperada a origem de replicação da fita leve (*OL*), com 30 pb, localizada entre os genes $tRNA^{Asn}$ e $tRNA^{Cys}$, na fita pesada, diferindo da localização típica. Além disso, foi identificada uma duplicação da origem de replicação da fita pesada (*OH*), com 54 pb, entre o $tRNA^{Gln}$ e uma parte sobreposta do $tRNA^{Met}$. **CONCLUSÕES:** A composição genômica observada corresponde ao padrão esperado para mitogenomas de vertebrados, e arranjos envolvendo a *OL* já foram registrados em répteis. Este estudo conseguiu descrever o primeiro genoma mitocondrial completo de *A. bedriagae*. Contudo, estudos futuros serão necessários para investigar a duplicação da *OH*.

Palavras-chave: Lacertidae. Lacertoidea. Mitogenoma.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

PRIMEIRA DESCRIÇÃO DO GENOMA MITOCONDRIAL DE *Penicillium fuscoglaucum* (Ascomycota; Eurotiales)

Gizela Ferreira Matos[1]; Priscila Martins de Assis[1], Renan Rodrigues Rocha[1,3], Davi Filipe Pimenta de Oliveira[1.], Luiz Guilherme Pereira Pimentel[1.], Karine Frehner Kavalco[1.], Rubens Pasa[1.]

[1]Universidade Federal de Viçosa, Rio Paranaíba, MG; [2] Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, MG; [3]Universidade de Mogi das Cruzes, Mogi das Cruzes, SP
*Autor correspondente: kavalco@ufv.br

AT10: Genômica e proteômica

INTRODUÇÃO: *Penicillium fuscoglaucum*, considerado sinônimo de *P. commune*, é uma das espécies do gênero *Penicillium*, ordem Eurotiales. É um fungo azul-esverdeado que pode causar deterioração em queijos, carnes, e mais recentemente em maçãs. A espécie por produzir micotoxinas, como o ácido ciclopiazônico (CPA), pode ser prejudicial a vertebrados, causando necrose fecal, em altas concentrações. Considerando sua importância na agricultura e indústria alimentícia é fundamental um maior conhecimento acerca dessa espécie. Genomas Mitocondriais (mitogenomas) podem ser ferramentas essenciais para expandir o conhecimento sobre uma espécie, contribuindo para o estudo da evolução e relações filogenéticas. **OBJETIVO:** Este trabalho pretende descrever o mitogenoma completo da espécie *P. fuscoglaucum*. **METODOLOGIA:** Para esse propósito, montamos e anotamos o mitogenoma através de bibliotecas de DNA-seq advindas do *Sequence Read Archive* (SRR33454474), mantidas pelo *National Center for Biotechnology Information (NCBI*). Os dados brutos obtidos foram importados para a plataforma Galaxy Europe, onde, por meio da ferramenta NOVOplasty v.4.3.1, realizamos a montagem do mitogenoma, utilizando como seed uma sequência de *citocromo oxidase subunidade 1 (cox1)* (JN626058.1) da espécie *P. bilaiae*. Em seguida, utilizamos três ferramentas para anotação: MITOS2 v.2.19, Mfannot e GeSeq v.2.3, da plataforma Chlorobox, utilizando como referência o genoma mitocondrial completo de *Penicillium citrinum* (MK919205.1). Foi feito um consenso manual com as três anotações e, quando necessário, os genes foram alinhados contra suas contrapartes em metagenomas de *Penicillium* disponíveis no NCBI, para corrigir junções de exons e íntrons. Por último, a imagem circular do mitogenoma foi gerada na plataforma Proksee. **Resultado:** A espécie estudada apresentou genoma mitocondrial circular de 28.260 pares de base (pb) e conteúdo GC de 25,70%, onde estão localizados 15 genes codificadores de proteína (PCGs) padrão para Ascomycota. Além disso, contém 27 RNA Transportadores (tRNAs), entre esses 14 de cópia única, 5 duplicados (*trnaG*, *trnaL*, *trnaD*, *trnaS*, *trnaR*) e um triplicado (*trnaM*). Ademais, inclui dois RNAs ribossomais (rRNAs), *rrnaS* e *rrnaL*, sendo observado neste estudo que o *rrnaL* foi dividido em três sequências (*rrnaL-a*, *rrnaL-b* e *rrnaL-c*). O *rrnaL* apareceu em apenas umas das ferramentas de anotação (MITOS2 v.2.19), sendo assim, são necessários mais estudos para saber se é de fato uma ocorrência na espécie ou um artefato da anotação. **Conclusão:** O presente trabalho, apresentou a primeira caracterização completa do mitogenoma de *P. fuscoglaucum*, contribuindo para ampliar o conhecimento sobre a espécie.

Palavras-chave: DNA. Fungos. Mitogenoma. rRNA.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

TRANSPORTADORES DE POTÁSSIO EM *Vigna unguiculata:* IDENTIFICAÇÃO, CLASSIFICAÇÃO E CARACTERIZAÇÃO IN SILICO DE GENES, PROMOTORES, E PROTEÍNAS CODIFICADAS

Roberto Augusto do Nascimento Monte[1]; Ederson Akio Kido[2]

[1;2]Universidade Federal de Pernambuco
*Autor correspondente: Roberto.monte@ufpe.br

AT10: Genômica e proteômica

INTRODUÇÃO: A *Vigna unguiculata* (L.) Walp, conhecida popularmente como feijão-caupi é uma leguminosa importante para a segurança alimentar no Brasil, especialmente na região Nordeste, mas sua produtividade é limitada, dentre outros fatores, pela capacidade de absorção de potássio (K^+), requerendo muitas vezes a suplementação deste nutriente essencial no solo. **OBJETIVO:** Este trabalho buscou identificar e caracterizar os genes e as famílias de proteínas transportadoras de potássio desta cultura, além das regiões promotoras destes genes, visando predizer os fatores de transcrição (FTs) que influenciam na expressão gênica. **METODOLOGIA:** Assim, através de abordagens de bioinformática foram identificadas proteínas transportadoras de K^+ curadas, dos bancos públicos UniProt e Phytozome, e por análises BLASTp (e-value cutoff de-10), para identificar proteínas no proteoma de V. unguiculata e, posteriormente, os genes e seus respectivos promotores no genoma da espécie, disponível na base de dados Phytozome. As regiões promotoras de 1.000 pb upstream ao início da transcrição foram extraídas e analisadas visando identificar potenciais FTs. Proteínas foram caracterizadas, em relação aos domínios proteicos (CDD) e a localização subcelular (WoLF PSORT). Foram identificadas mais de 120 proteínas de feijão-caupi, similares a proteínas transportadoras de K+, curadas da espécie modelo *Arabidopsis thaliana*, as quais foram classificadas em cinco grandes famílias: HAK/KT/KUP, CHX, KEA, Shaker e TPK. As proteínas identificadas foram associadas a 89 genes distribuídos no genoma do feijão-caupi. **RESULTADOS:** As proteínas canônicas (uma de cada gene) revelaram domínios específicos conservados, tais como K_trans, Ion_trans e CAP_ED, que ajudaram a inferir funções, enquanto a predição da localização subcelular confirmou que a maioria delas era de membrana plasmática. Por sua vez, a análise dos promotores revelou 91 principais FTs capazes de regular esses genes**. CONCLUSÃO:** Assim, esses dados podem contribuir no melhoramento do feijão-caupi, na busca de cultivares mais eficientes na absorção e transporte de K+, buscando a sua maior produção.

Palavras-chave: Análise in silico. Melhoramento Genético. Transportadores de Potássio.

Agradecimentos e financiamento
Universidade Federal de Pernambuco, Laboratório de Genética Molecular de Plantas, Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES), Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

ENSINO DE CITOLOGIA, GENÉTICA OU BIOLOGIA MOLECULAR

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

ANÁLISE DAS DOENÇAS GENÉTICAS HUMANAS NOS LIVROS DIDÁTICOS DO PNLD 2021 – OBJETIVO 2

Marcos Antonio Nobrega de Sousa [1]; Dácio Dacliélio Tenório da Silva[2]

[1]Doutor em Genética pela Universidade de São Paulo – USP/ Professor Associado da Universidade Federal de Campina Grande – UFCG/CSTR/UACB; [2] Estudante de Graduação em Licenciatura em Ciências Biológicas, Universidade Federal de Campina Grande – UFCG/CSTR/UACB.
*Autor correspondente: dacio.daclielio@estudante.ufcg.edu.br

AT11: Ensino de citologia, genética ou biologia molecular

INTRODUÇÃO: Apesar da internet fornecer acesso a informações educacionais, muitas escolas no Brasil ainda enfrentam exclusão digital, tornando o livro didático um recurso essencial e, muitas vezes, o único disponível em sala de aula. No ensino de genética, os livros frequentemente contêm informações equivocadas. **OBJETIVO:** Analisar a prevalência e a qualidade do conteúdo sobre doenças genéticas humanas nos livros didáticos do Objetivo 2 do PNLD de 2021. **METODOLOGIA:** Trata-se de pesquisa exploratória, com abordagem quantitativa, para análise do conteúdo sobre genética humana. Foram aplicados critérios de exclusão: livros fora das coleções de Ciências da Natureza e suas Tecnologias; livros não pertencentes ao Objetivo 2 do PNLD; e livros não aprovados no PNLD 2021. Após a filtragem, os livros foram adquiridos nos sites das editoras e no repositório E-docente. Em seguida, realizou-se leitura exploratória pré-analítica, priorizando capítulos de genética e conteúdos relacionados. **RESULTADOS:** Os livros do PNLD analisados compõem sete coleções, cada uma com seis livros, totalizando 42 obras. Após a aplicação dos critérios de exclusão, apenas sete livros foram avaliados. Foram identificadas 22 doenças genéticas, considerando referências no texto e nos exercícios. Nenhum livro abordou todas as doenças. As mais frequentes foram Albinismo Humano e Hemofilia (10,64% cada), seguidas por Daltonismo e Polidactilia (8,51% cada). O desenvolvimento do conteúdo variou: o Albinismo Humano apresentou o melhor detalhamento, enquanto doenças menos conhecidas receberam pouca atenção. Observou-se que as doenças mais frequentes na população mundial receberam maior destaque, o que pode limitar o conhecimento abrangente sobre doenças genéticas humanas. **Conclusão**: A análise evidencia carência e fragmentação das informações nos livros do PNLD 2021. Futuras edições devem oferecer cobertura mais ampla e aprofundamento das doenças genéticas humanas, dada a relevância do tema para educação e saúde.

Palavras-chave: Doenças dos seres humanos. Educação. Livros. Prevalência.

Agradecimentos e financiamento
Agradecimentos ao programa de iniciação científica da UFCG pela bolsa concedida ao estudante e ao laboratório de genética e toxicologia da UFCG.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

FREQUÊNCIA E DESEMPENHO DOS VÍDEOS SOBRE GENÉTICA NO CANAL "PAULO JUBILUT" NO YOUTUBE

Taiane Martins Alves[1]; Bárbara Wanessa de Sousa Buarque[2], Dácio Dacliélio Tenório da Silva[3], Cauê Guedes Ramalho[4], Marcos Antonio Nobrega de Sousa[5]

[1,2,3,4]Estudante de Graduação em Licenciatura em Ciências Biológicas, Universidade Federal de Campina Grande – UFCG/CSTR/UACB; [5]Doutor em Genética pela Universidade de São Paulo – USP/ Professor Associado da Universidade Federal de Campina Grande – UFCG/CSTR/UACB
*Autor correspondente: taianemartinsalves@gmail.com

AT11: Ensino de citologia, genética ou biologia molecular

INTRODUÇÃO: O YouTube consolidou-se como uma plataforma digital de grande alcance para a divulgação de informações, especialmente no campo educacional. Durante a pandemia de COVID-19, houve aumento significativo no uso da plataforma por educadores para o ensino remoto. O canal "Paulo Jubilut" destaca-se pela ampla base de inscritos e pela diversidade de conteúdos relacionados à biologia, tornando-se um relevante objeto de estudo para compreender a oferta e o engajamento dos conteúdos educacionais em genética. **OBJETIVO:** Analisar a frequência e o desempenho dos conteúdos de Biologia publicados no canal Paulo Jubilut, com ênfase em genética. **METODOLOGIA:** Pesquisa quantitativa, de caráter descritivo. Foram coletados dados do canal Paulo Jubilut no YouTube, referentes a vídeos publicados entre janeiro de 2019 e dezembro de 2024. Investigaram-se o número de visualizações e as áreas temáticas dos vídeos, excluindo transmissões ao vivo (*lives*) e vídeos curtos (*shorts*). **RESULTADOS:** A análise contemplou 178 vídeos, distribuídos em áreas como anatomia, biologia geral, bioquímica, botânica, climatologia, ecologia, entomologia, evolução, farmacologia, fisiologia, genética, microbiologia, mineralogia, neurobiologia, parasitologia, patologia e zoologia. A ecologia foi a área mais frequente, representando 30,90% dos conteúdos, seguida por fisiologia (21,91%), genética (9,55%), microbiologia (8,99%) e evolução (7,30%). Em número de visualizações, destacaram-se fisiologia (30,56%), ecologia (26,22%), microbiologia (15,60%) e genética (10,52%). Apesar de ser considerada uma área complexa, a genética ocupou o quarto lugar em visualizações, possivelmente devido à dificuldade dos temas, uso de linguagem técnica, títulos pouco atrativos ou maior preferência do público por buscar conteúdos semelhantes em outros canais. **Conclusão:** O estudo evidencia a necessidade de aprimorar as estratégias comunicativas em áreas consideradas desafiadoras, como a genética. Para ampliar o interesse e o engajamento do público, recomenda-se investir na produção de vídeos interativos, incorporar recursos visuais dinâmicos, adaptar a linguagem a diferentes públicos, utilizar exemplos práticos e realizar análises comparativas com formatos bem-sucedidos de outras áreas.

Palavras-chave: Canal. Educação. Ensino. Paulo Jubilut. Youtube.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

ASSUNTOS DE GENÉTICA NO CANAL BIOLOGIA COM SAMUEL CUNHA NO YOUTUBE

Taiane Martins Alves[1]; Cauê Guedes Ramalho[2]; Bárbara Wanessa de Sousa Buarque[3]; Dácio Dacliélio Tenório da Silva[4]; Marcos Antonio Nobrega de Sousa[5]

[1,2,3,4]Estudante de Graduação em Licenciatura em Ciências Biológicas, Universidade Federal de Campina Grande – UFCG/CSTR/UACB; [5] Doutor em Genética pela Universidade de São Paulo – USP/ Professor Associado da Universidade Federal de Campina Grande – UFCG/CSTR/UACB
*Autor correspondente: taianemartinsalves@gmail.com

AT11: Ensino de citologia, genética ou biologia molecular

INTRODUÇÃO: O YouTube é uma das plataformas digitais mais populares para a disseminação de informações. No campo educacional, muitos professores utilizam esse ambiente como recurso didático. Nesse contexto, o canal "Biologia com Samuel Cunha" destaca-se pela ampla base de inscritos e pela diversidade de conteúdos relacionados à Biologia. **OBJETIVO:** Avaliar a frequência e o desempenho dos vídeos relacionados à genética no canal "Biologia com Samuel Cunha". **METODOLOGIA:** Pesquisa quantitativa, de caráter descritivo, com coleta de dados no canal Biologia com Samuel Cunha no YouTube, referentes a vídeos publicados entre janeiro de 2019 e dezembro de 2024. Analisaram-se o número de visualizações e a distribuição temática, excluindo transmissões ao vivo (*lives*) e vídeos curtos (*shorts*). **RESULTADOS:** Identificaram-se 213 vídeos distribuídos em áreas como anatomia humana, biologia celular e molecular, bioquímica, biotecnologia, botânica, ecologia, embriologia, evolução, fisiologia, genética, histologia, imunologia, microbiologia, parasitologia, psicologia e zoologia. A fisiologia concentrou 15,61% dos conteúdos, seguida por bioquímica (11,22%) e biologia celular e molecular e microbiologia (10,73% cada). A genética representou 8,29% dos vídeos, percentual inferior à sua relevância acadêmica. Em visualizações, destacaram-se bioquímica (21,44%), biologia celular e molecular (20,19%), fisiologia (13,67%) e genética (8,12%). A menor procura por vídeos de genética pode estar relacionada à complexidade dos temas, ao formato das apresentações ou à concorrência de canais especializados. **Conclusão**: O estudo evidencia a necessidade de estratégias de comunicação mais eficazes para áreas tradicionalmente desafiadoras, como a genética. Recomenda-se investir em vídeos mais interativos, incorporar recursos visuais dinâmicos, adaptar a linguagem a diferentes públicos e analisar formatos bem-sucedidos de outras áreas. Tais ações podem favorecer maior interesse e engajamento do público com conteúdo genéticos.

Palavras-chave: Biologia com Samuel Cunha. Canal. Educação. Ensino. Youtube.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

BIOLOGIA MOLECULAR NO ENSINO SUPERIOR: DESAFIOS E PERSPECTIVAS NO ENSINO SUPERIOR

Andresssa Byanca Ferreira da Silva[1]

[1]Universidade Federal do Maranhão (UFMA)
*Autor correspondente: abf.silva@discente.ufma.br

AT11: Ensino de citologia, genética ou biologia molecular

INTRODUÇÃO: O ensino de Biologia Molecular no ensino superior representa um desafio constante na formação de futuros biólogos e educadores. Essa área, fundamental para a compreensão dos processos celulares e genéticos, requer métodos de ensino que integrem teoria, prática e tecnologia. No entanto, ainda existem lacunas na conexão entre o conteúdo teórico e sua aplicação em situações reais, o que dificulta o aprendizado significativo dos estudantes. Nesse contexto, é importante examinar como as estratégias pedagógicas têm colaborado para aprimorar o ensino dessa disciplina nas universidades brasileiras. **OBJETIVO:** Analisar as principais aplicações e desafios no ensino de Biologia Molecular no ensino superior, buscando identificar os métodos inovadores utilizados nas universidades e discutir seus efeitos sobre o desenvolvimento crítico e científico dos acadêmicos**. METODOLOGIA:** Este estudo consiste em uma revisão de literatura, baseada na leitura e análise de 15 artigos científicos publicados entre 2015 e 2024, selecionados em bases de dados como SciELO, CAPES e Google Acadêmico. Os trabalhos foram escolhidos com base nos descritores "ensino de Biologia Molecular", "metodologias ativas" e "formação universitária". A análise considerou os métodos de ensino mais frequentemente relatados, seus efeitos no processo de aprendizagem e os desafios enfrentados pelos docentes. **RESULTADOS:** A revisão evidenciou que o uso de metodologias ativas, aulas práticas e recursos digitais interativos melhoras significativamente o envolvimento e a compreensão conceitual dos alunos. Em contrapartida, os artigos apontaram que limitações estruturais e a falta de formação continuada dos professores são obstáculos à inovação didática. Verificou-se que as instituições de ensino superior que promovem a integração entre ensino, pesquisa e extensão obtêm resultados mais expressivos no processo de aprendizagem. **Conclusão:** Portanto, o ensino de Biologia Molecular no ensino superior exige atualização contínua das metodologias e investimento em práticas que aproximem os alunos do mundo científico. A implementação de estratégias participativas enriquece a formação crítica e favorece um aprendizado mais significativo.

Palavras-chave: Aprendizagem. Formação universitária. Metodologias ativas.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

DA TEORIA À PRÁTICA: ESTRATÉGIAS LÚDICAS E ACESSÍVEIS NO ENSINO DE CIÊNCIAS NO FUNDAMENTAL II

Levi Gonçalves da Silva[1]

[1]Universidade de Pernambuco - UPE
*Autor correspondente: levi.goncalves@upe.br

AT11: Ensino de citologia, genética ou biologia molecular

INTRODUÇÃO: O ensino de Ciências no Ensino Fundamental II enfrenta desafios significativos ao abordar conteúdos abstratos e complexos como a citologia. Muitos estudantes apresentam dificuldade em compreender a estrutura e o funcionamento celular apenas por meio de aulas expositivas, o que pode comprometer seu interesse e rendimento. Nesse cenário, estratégias práticas e contextualizadas mostram-se eficazes para despertar a curiosidade, promover o pensamento crítico e tornar o processo de aprendizagem mais significativo. **OBJETIVO:** Relatar e analisar os efeitos de uma experiência de aula prática sobre citologia realizada com turmas do 8º ano do Ensino Fundamental II, destacando sua contribuição para o entendimento dos componentes celulares e suas funções. **METODOLOGIA:** A pesquisa, de abordagem qualitativa e caráter exploratório-participativo, foi realizada com uma turma de 32 alunos de uma escola pública da rede municipal de Caruaru/PE. A intervenção pedagógica incluiu três encontros, com: (1) aplicação de um questionário diagnóstico composto por 10 questões objetivas de múltipla escolha, avaliando conhecimentos prévios sobre células; (2) explanação teórica com apoio de slides ilustrativos e vídeos educativos sobre citologia; e (3) construção de modelos tridimensionais de células animal e vegetal com materiais acessíveis e reutilizáveis. A análise dos dados considerou a comparação entre os resultados do questionário inicial e final, além de registros observacionais e relatos dos professores. **RESULTADOS:** Verificou-se maior participação e envolvimento dos alunos durante as atividades práticas. O questionário pós-intervenção indicou avanço na identificação das organelas e suas funções, com destaque para a diferenciação entre célula animal e vegetal. Os professores observaram melhora no comportamento dos estudantes em sala, maior cooperação entre os pares e aumento do interesse pelo conteúdo. **CONCLUSÕES:** A aula prática permitiu uma aprendizagem mais concreta e significativa, promovendo melhor retenção dos conteúdos e maior engajamento dos alunos. O uso de materiais simples e estratégias lúdicas demonstrou ser uma alternativa eficaz e de baixo custo para o ensino de conteúdos abstratos, podendo ser replicada em outras escolas como modelo de intervenção pedagógica acessível e impactante.

Palavras-chave: Aprendizagem. Ensino Lúdico. Modelo. Prática.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

DNA NA PALMA DA MÃO: ENSINO DE BIOLOGIA MOLECULAR PARA ALUNOS DO FUNDAMENTAL II

Levi Gonçalves da Silva[1]

[1]Universidade de Pernambuco - UPE
*Autor correspondente: levi.goncalves@upe.br

AT11: Ensino de citologia, genética ou biologia molecular

INTRODUÇÃO: Ensinar conceitos como DNA e hereditariedade no Ensino Fundamental II é desafiador, pois exige o domínio de abstrações complexas. Porém, quando tratados com criatividade e vínculo com a realidade, esses conteúdos despertam fascínio e envolvimento. **OBJETIVO:** Estimular o interesse dos alunos por genética e biologia molecular por meio de uma oficina prática sobre extração de DNA e montagem de modelos. **METODOLOGIA:** A pesquisa, de abordagem qualitativa e caráter exploratório-participativo, foi realizada com 30 alunos do 9º ano de uma escola pública de Caruaru/PE. Em um primeiro encontro, os estudantes participaram de uma oficina de extração de DNA de frutas, utilizando materiais simples como detergente, sal e álcool. A atividade permitiu observar um precipitado contendo DNA, possibilitando inferir sua presença, embora sem visualização da estrutura molecular propriamente dita. No segundo encontro, os alunos construíram modelos tridimensionais da dupla hélice do DNA com materiais recicláveis, favorecendo a compreensão conceitual da molécula. As ações foram complementadas por rodas de conversa e um quiz interativo, com função avaliativa e reflexiva. **RESULTADOS:** A prática gerou grande curiosidade, com participação ativa dos alunos e perguntas relevantes. Muitos expressaram surpresa ao "verem" o DNA, conectando o conteúdo a séries, filmes e até situações familiares. Professores relataram que os estudantes se mantiveram engajados nas semanas seguintes, demonstrando interesse por outras áreas da biologia. **CONCLUSÕES:** A extração permitiu evidenciar a presença do DNA em forma de precipitado visível, aproximando os alunos de conceitos genéticos de maneira concreta. Mesmo sem visualizar diretamente a molécula, a atividade despertou interesse e facilitou a compreensão, demonstrando o valor das práticas experimentais na educação científica.

Palavras-chave: Aprendizagem. Genética. Interatividade. Lúdico.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

ENSINO DE MEIOSE: UM ESTUDO A PARTIR DOS ANAIS DO CONEDU

Juliana Georgia da Silva[1*]; Maria Eduarda da Silva Souza[2]

[1]Universidade Federal Rural de Pernambuco; [2]Universidade de Pernambuco
*Autor correspondente: juliana.georgia@ufrpe.br

AT011: Ensino de citologia, genética ou biologia molecular

INTRODUÇÃO: O ensino de Meiose é um conteúdo fundamental para a compreensão dos processos biológicos, porém, apresenta elevada complexidade conceitual, o que torna necessária a utilização de estratégias, metodologias e recursos que favoreçam a aprendizagem. Os anais do Congresso Nacional de Educação (CONEDU) constituem um espaço de socialização de práticas pedagógicas que permitem analisar as abordagens utilizadas no ensino, em especial essa temática. **OBJETIVO:** Analisar os recursos, estratégias e metodologias empregadas no ensino de meiose a partir dos trabalhos publicados nos anais do CONEDU. **METODOLOGIA:** Trata-se de um estudo descritivo, de abordagem quali-quantitativa, realizado por meio de revisão sistemática dos anais do CONEDU, de 2014 a 2024. A coleta de dados considerou palavras-chave relacionadas à meiose. Os trabalhos identificados foram classificados e submetidos à análise de conteúdo, conforme Bardin, com aplicação de métodos de bibliometria para mapear a produção científica, identificar tendências e quantificar padrões de publicação. **Resultado:** Em 11 anos de realização do evento, foram publicados 39.830 trabalhos. A busca pelas palavras-chave retornou 20 trabalhos, dos quais apenas 14 trataram do uso de recursos e/ou da aplicação de metodologias e estratégias voltadas para o ensino de meiose. Dentre esses, 4 abordaram exclusivamente a meiose, enquanto 10 discutiram a meiose em conjunto com a mitose no contexto do ensino da divisão celular. Desses trabalhos analisados predominou o uso dos jogos didáticos (42,9%) e modelos didáticos (32,2%). Também foram encontradas propostas de literatura de cordel, aula prática, sequência didática e tecnologia digital correspondendo (7,1%) para cada um. A maioria dos trabalhos destinou-se ao ensino médio (84,6%), com predominância no 1° ano do EM. Por outro lado, (15,4%) tiveram como público-alvo o Ensino Superior. **Conclusão:** O ensino de divisão celular ainda é pouco explorado nos anais do CONEDU, mas apresenta tendência de crescimento e diversificação metodológica. As estratégias lúdicas e interativas destacam-se como recursos eficazes para promover engajamento e facilitar a compreensão de conceitos complexos, demonstrando potencial para ampliar a aprendizagem em biologia. Evidencia-se a importância de incentivar pesquisas e práticas pedagógicas voltadas para essa temática, valorizando metodologias inovadoras e acessíveis.

Palavras-chave: Aprendizagem. Bibliometria. Divisão celular. Meiose.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

GENÉTICA HUMANA NOS LIVROS DIDÁTICOS DO PNLD: UMA REVISÃO SISTEMÁTICA

Marcos Antonio Nobrega de Sousa[1]; Dácio Dacliélio Tenório da Silva[2*]

[1]Doutor em Genética pela Universidade de São Paulo – USP/ Professor Associado da Universidade Federal de Campina Grande – UFCG/CSTR/UACB; [2] Estudante de Graduação em Licenciatura em Ciências Biológicas, Universidade Federal de Campina Grande – UFCG/CSTR/UACB.
*Autor correspondente: dacio.daclielio@estudante.ufcg.edu.br

AT11: Ensino de citologia, genética ou biologia molecular

INTRODUÇÃO: O livro didático é a principal fonte de informação nas salas de aula, especialmente no Brasil, onde muitas regiões ainda enfrentam exclusão digital. Entretanto, diversos assuntos da genética humana contêm erros ou não são bem desenvolvidos. **OBJETIVO:** Analisar o estado da arte da produção científica sobre genética humana em livros didáticos brasileiros do Programa Nacional do Livro Didático (PNLD). **METODOLOGIA:** Fo realizada uma revisão sistemática nas bases Scopus, Web of Science e Scielo, utilizando os descritores e operadores booleanos ("genetics" OR "genetics content" OR "genetics education") AND ("textbooks" OR "educational materials" OR "PNLD"). Incluíram-se artigos em português ou inglês, com conteúdo sobre genética humana em livros didáticos do PNLD, publicados entre 2015 e 2025. Foram excluídos artigos sobre outros assuntos em livros didáticos, que não abordassem livros do PNLD, fora do período determinado, ou revisões de literatura e/ou escopo. **RESULTADOS:** Inicialmente, foram obtidos 8.100 registros de artigos. Após aplicação dos filtros de idioma, período e tipo de material, restaram 272 artigos na Scopus, 1.838 na Web of Science e 28 na Scielo, totalizando 2.138 registros. Desses, 34 duplicados foram excluídos, resultando em 2.104 artigos. O material foi enviado para o site Rayyan, onde a seleção foi realizada em análise duplo-cega, com auxílio de um terceiro revisor para resolver conflitos, finalizando com apenas oito artigos para leitura completa. Os artigos selecionados datam de 2015 a 2021, não sendo encontrados registros mais recentes. Entre eles, 12,5% abordaram células, 12,5% sequências didáticas, 25% características genéticas, 25% Mendel, 12,5% fragmentação dos assuntos e 12,5% utilização de imagens. Observa-se que os conteúdos estão bastante fragmentados nos livros didáticos, além de apresentarem pouca prioridade e tendência determinista. A escassez de artigos inviabiliza uma análise abrangente do estado da arte, possivelmente devido à indexação insuficiente das revistas ou à baixa exploração do tema em pesquisas educacionais. **Conclusão**: A literatura científica evidencia a carência de informações sobre genética humana nos livros didáticos. Dada a relevância do tema para o cenário educacional, recomenda-se a realização de novas pesquisas para compreender melhor o conhecimento disponível e apoiar a melhoria do ensino de genética.

Palavras-chave: Educação médica. Genética de seres humanos. Livros-textos.

Agradecimentos e financiamento
Agradecimentos ao programa de iniciação científica da UFCG pela bolsa concedida ao estudante e ao Laboratório de Genética e Toxicologia da UFCG.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

ILUSTRAÇÕES ASSOCIADAS AO CONTEÚDO DE CARACTERÍSTICAS GENÉTICAS HUMANAS, NOS LIVROS DIDÁTICOS DO OBJETIVO 2, DO PNLD DE 2021

Marcos Antonio Nobrega de Sousa[1]; Dácio Dacliélio Tenório da Silva[2*]

[1]Doutor em Genética pela Universidade de São Paulo – USP/ Professor Associado da Universidade Federal de Campina Grande – UFCG/CSTR/UACB; [2] Estudante de Graduação em Licenciatura em Ciências Biológicas, Universidade Federal de Campina Grande – UFCG/CSTR/UACB.
*Autor correspondente: dacio.daclielio@estudante.ufcg.edu.br

AT11: Ensino de citologia, genética ou biologia molecular

INTRODUÇÃO: O cenário da educação brasileira vem se transformando e se adequando às novas realidades. Entretanto, o livro didático dentro da sala de aula ainda é de total relevância e, muitas das vezes, é o único meio de informação confiável e disponível. Visto que o ensino de genética é complicado para a assimilação do conteúdo, o uso de ilustrações torna mais fácil a fixação do conteúdo. **OBJETIVO:** Analisar a prevalência de ilustrações associadas ao conteúdo de características genéticas humanas nos livros didáticos do Objetivo 2 do PNLD de 2021. **METODOLOGIA:** Pesquisa de abordagem exploratória e de caráter quantitativo para análise do conteúdo de genética humana. Foram empregados critérios de exclusão para filtrar as obras: livros que não fazem parte das coleções de ciências da natureza e suas tecnologias; que não fazem parte do Objetivo 2 do Programa Nacional do Livro Didático (PNLD); e livros não aprovados no programa nacional do livro didático de 2021. Após a filtragem inicial, foi efetuada uma busca nos sites de cada editora e no site E-docente para a aquisição dos livros. Logo após, foi efetuada uma leitura exploratória pré-analítica do material disponível, priorizando os capítulos de genética e conteúdos relacionados. **RESULTADOS:** Após a obtenção e análise preliminar dos livros didáticos, foram selecionadas sete coleções, cada uma possuindo seis livros, totalizando assim 42 livros para apreciação. Entretanto, ao aplicar os critérios de exclusão, restaram apenas sete livros para análise. Foram identificadas 18 características, e todas as referências presentes nos textos foram consideradas, tanto no corpo textual quanto nos exercícios. No entanto, nenhum dos livros conseguiu abordar todas as características encontradas em uma única obra. A característica que mais utilizou ilustrações foi Sistema ABO, representando 68,45%, seguido por Altura/Estatura, Capacidade ou não de dobrar a língua em forma de U e Sistema Rh, representando 10,53% cada. Foi observado que várias características não optaram pela utilização de ilustrações para melhor fixação do assunto, o que é um pouco preocupante em vários cenários. Uma vez que existem várias características que, para entendimento e fixação, precisam ser acompanhadas de uma ilustração. Na ausência, cabe ao professor ou aluno fazer a busca da imagem por conta própria. **Conclusão**: A ausência de ilustrações sobre características humanas é um grande problema, já que muitos alunos necessitam de imagens para melhor assimilar o conhecimento. Sendo assim, as futuras edições dos livros didáticos devem abranger melhor a utilização de ilustrações na apresentação do assunto.

Palavras-chave: Características genéticas dos seres humanos. Ensino. Investigação.

Agradecimentos e financiamento
Agradecimentos ao programa de iniciação científica da UFCG pela bolsa concedida ao estudante e ao Laboratório de Genética e Toxicologia da UFCG.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

QUALIDADE DO ASSUNTO SOBRE CARACTERÍSTICAS GENÉTICAS HUMANAS NOS LIVROS DIDÁTICOS DO PNLD DE 2021

Taiane Martins Alves[1]; Dácio Dacliélio Tenório da Silva[2]; Marcos Antonio Nobrega de Sousa[3]

[1, 2]Estudante de Graduação em Licenciatura em Ciências Biológicas, Universidade Federal de Campina Grande – UFCG/CSTR/UACB; [3] Doutor em Genética pela Universidade de São Paulo – USP/ Professor Associado da Universidade Federal de Campina Grande – UFCG/CSTR/UACB
*Autor correspondente: taianemartinsalves@gmail.com

AT11: Ensino de citologia, genética ou biologia molecular

INTRODUÇÃO: Embora a internet tenha se consolidado como uma das principais fontes de informação, muitas escolas brasileiras ainda enfrentam a realidade da exclusão digital. Nesse contexto, o livro didático mantém-se como recurso central em sala de aula. No entanto, no ensino de genética, além da complexidade intrínseca do conteúdo, esses materiais frequentemente apresentam informações imprecisas, o que pode comprometer o processo de aprendizagem. **OBJETIVO:** Analisar a prevalência e a qualidade do conteúdo sobre características genéticas humanas nos livros didáticos do Programa Nacional do Livro e do Material Didático (PNLD) 2021, destinados aos anos finais do ensino fundamental. **METODOLOGIA:** Trata-se de pesquisa exploratória, com abordagem predominantemente qualitativa e componente quantitativo para análise da frequência das características observadas. Adotaram-se três critérios de exclusão: (1) obras fora das coleções de Ciências da Natureza e suas Tecnologias; (2) obras não destinadas ao objetivo 2 do PNLD, referente aos anos finais do Ensino Fundamental II; e (3) livros não aprovados no PNLD 2021. Após a filtragem inicial, as obras foram obtidas nos sites das editoras e no repositório E-docente. Em seguida, realizou-se uma leitura exploratória pré-analítica, com foco nos capítulos e tópicos sobre genética humana. **RESULTADOS:** Foram analisadas preliminarmente sete coleções, totalizando 42 livros. Após aplicação dos critérios de exclusão, sete livros foram selecionados para análise. Identificaram-se 18 características genéticas nas obras, considerando referências no texto e nos exercícios. Nenhum livro contemplou todas as características. O sistema ABO foi o mais abordado, com 13,51% das menções, seguido por altura/estatura, cor da pele e sistema Rh, cada uma com 10,81%. A abordagem dos temas foi, em geral, pertinente para o entendimento das condições genéticas. Contudo, foram observados equívocos quanto ao tipo de herança genética e diversas características foram apresentadas apenas como exemplos ou exercícios, o que pode comprometer a compreensão conceitual dos estudantes. **Conclusão:** A carência de informações e os equívocos sobre características genéticas nos livros didáticos são preocupantes. Recomenda-se que futuras edições incluam: (1) revisão técnica por especialistas em genética durante a elaboração e atualização dos materiais; (2) alinhamento dos conteúdos com os avanços científicos recentes e com referências bibliográficas atuais; (3) formação continuada de docentes para mediação desses conteúdos; e (4) maior integração entre educação e saúde para assegurar precisão e relevância pedagógica. Essas medidas podem reduzir equívocos e fortalecer a aprendizagem em genética.

Palavras-chave: Características genéticas humanas. Educação. PNLD. Qualidade.

Agradecimentos e financiamento
Agradecemos ao Laboratório de Genética e Toxicologia (LGTX) pelo apoio técnico e científico.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

OUTRAS ÁREAS DA BIOLOGIA MOLECULAR

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

APLICAÇÃO DE TÉCNICAS MOLECULARES NO DIAGNÓSTICO DE *Babesia spp.* EM CÃES: REVISÃO SISTEMÁTICA

Jéssica Carolina da Silva[1*]; Alexandre Wagner Silva Hilsdorf [1]; Daniela Leite Jabes[1]

[1]Universidade de Mogi das Cruzes
*Autor correspondente: jessicacarolina@umc.br

AT12: Outras áreas da biologia molecular

INTRODUÇÃO: A babesiose canina é uma doença parasitária causada por protozoários do gênero *Babesia*, transmitida principalmente por carrapatos. Métodos clássicos de diagnóstico, como o esfregaço sanguíneo e a sorologia, permanecem em uso devido ao baixo custo e à praticidade, mas apresentam limitações quanto à sensibilidade, especificidade e detecção em diferentes fases da infecção. Nesse contexto, técnicas moleculares, em especial a reação em cadeia da polimerase (PCR), oferecem maior precisão diagnóstica e permitem diferenciar espécies de *Babesia* spp. **OBJETIVO:** Identificar e analisar as técnicas de diagnóstico da babesiose canina reportadas na literatura, com destaque para o uso de métodos moleculares e sua comparação com abordagens convencionais. **METODOLOGIA:** Realizou-se revisão sistemática nas bases PubMed, SciELO e BVS, utilizando descritores combinados por operadores booleanos relacionados a *Babesia* spp., diagnóstico e cães. Aplicaram-se filtros de data (últimos cinco anos), disponibilidade de texto completo e tipo de artigo. Dos 30 estudos identificados, três foram excluídos por duplicação. Após triagem por título e resumo, permaneceram 20 artigos para leitura integral, dos quais foram extraídos dados sobre as técnicas utilizadas e as espécies identificadas. **RESULTADOS:** Dos 20 artigos analisados, 8 utilizaram apenas um método diagnóstico, seja esfregaço sanguíneo ou PCR. Os demais combinaram abordagens, com a PCR predominando em 18 estudos, incluindo 3 em tempo real e 1 semi-nested. Dezessete relataram amplificação positiva para *Babesia* spp., reforçando a robustez da técnica. O esfregaço sanguíneo, empregado em 13 estudos, detectou piroplasmas em 10, mas com baixa sensibilidade e limitação na distinção entre espécies. Testes sorológicos foram menos frequentes: imunofluorescência indireta em dois estudos e ELISA em um, aplicados em fases específicas, porém pouco utilizados na amostra analisada. Quanto às espécies identificadas, *Babesia vogeli* foi a mais prevalente (8 estudos), seguida por *Babesia* spp. não especificada (6), *Babesia canis* (3), *B. canis canis* (1), *Babesia negevi* (1), *Babesia bigemina* (1) e *Babesia gibsoni* (1). Apenas um estudo descreveu piroplasmas em esfregaços de ponta de orelha, mas a confirmação molecular para *B. vogeli* foi negativa. **Conclusão:** As técnicas moleculares, sobretudo a PCR, são referência para o diagnóstico da babesiose canina, oferecendo alta sensibilidade e especificidade, além de permitir a diferenciação de espécies. Apesar do custo e da exigência de profissionais especializados, representam avanço em relação aos métodos convencionais, viabilizando diagnósticos mais precoces e precisos, essenciais para o manejo clínico e epidemiológico.

Palavras-chave: Hemoparasitas. Esfregaço sanguíneo. Diagnóstico laboratorial.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

BANCOS DE DADOS BIOINFORMÁTICOS COMO FERRAMENTA ESTRATÉGICA NO MONITORAMENTO DA RESISTÊNCIA ANTIMICROBIANA

Ruana Carolina Cabral da Silva[1]

[1]Universidade Federal da Grande Dourados/MS
*Autor correspondente: ruanacarolina08@gmail.com

AT12: Outras áreas da biologia molecular

INTRODUÇÃO: A resistência antimicrobiana constitui uma crise global de saúde, impulsionada pelo uso indiscriminado de antibióticos e pela rápida disseminação de genes de resistência entre microrganismos. Nesse contexto, os bancos de dados bioinformáticos assumem papel essencial, permitindo a catalogação, análise e comparação de determinantes genéticos associados à resistência. **OBJETIVO:** Analisar através da literatura a importância dos principais bancos de dados bioinformáticos na vigilância e compreensão dos mecanismos de resistência antimicrobiana, destacando sua contribuição para a pesquisa, diagnóstico e desenvolvimento de novas estratégias terapêuticas. **METODOLOGIA:** Trata-se de uma **revisão narrativa da literatura**. A busca bibliográfica foi realizada nas bases PubMed, SciELO, LILACS e Google Scholar, contemplando o período de 2014 a 2024. Foram utilizados os descritores em português e inglês: *"resistência antimicrobiana/antimicrobial resistance"*, *"bancos de dados/databases"*, *"bioinformática/bioinformatics"*, *"CARD"*, *"ResFinder"*, *"ARG-ANNOT"*, *"VFDB"*, *"PDB"*, *"PubChem"*, *"ChEMBL"* e *"KEGG"*, combinados com os operadores booleanos AND e OR. Como critérios de inclusão, foram selecionados 8 artigos que abordavam diretamente a aplicação de bancos de dados bioinformáticos na identificação, caracterização ou análise de genes e mecanismos de resistência antimicrobiana. Foram excluídos estudos duplicados, publicações em outros idiomas que não português e inglês e trabalhos que não tratassem especificamente da temática. **RESULTADOS:** A revisão evidenciou que os bancos especializados em resistência são fundamentais para identificar rapidamente genes e mecanismos envolvidos na resistência antimicrobiana, apoiando vigilância epidemiológica e programas de saúde pública. Já os bancos gerais ampliam as possibilidades de análise, fornecendo informações estruturais, químicas e funcionais que permitem compreender o impacto de mutações, explorar interações ligante-receptor e mapear rotas metabólicas envolvidas na resistência. A integração dessas plataformas possibilita análises multiescalares, desde a detecção genômica até a triagem virtual de compostos, fortalecendo o desenvolvimento de novos antibióticos e inibidores de resistência. **CONCLUSÕES:** Os bancos de dados, tanto especializados quanto gerais, constituem ferramentas indispensáveis para o enfrentamento da resistência antimicrobiana. Sua utilização integrada potencializa a vigilância global, acelera a descoberta de moléculas ativas e orienta a inovação terapêutica. Investir na atualização contínua e no acesso aberto a essas plataformas é importante para antecipar tendências de resistência e subsidiar políticas públicas de saúde.

Palavras-chave: Bancos de Dados. Bioinformática. Saúde Pública.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

FERRAMENTAS MOLECULARES (PCR-RFLP E MULTIPLEX PCR) PARA A IDENTIFICAÇÃO DE TUBARÕES E RAIAS: UMA ABORDAGEM CIENCIOMETRICA

Tiago Sousa de Farias[1*]

[1]Programa de Pós-graduação em Aquicultura e Recursos Aquáticos Tropicas/Universidade Federal Rural da Amazônia (UFRA), Campus Belém, Pará, Brasil.
*Autor correspondente: tiagosousafarias22@gmail.com.

AT12: Outras áreas da biologia molecular

Introdução O desenvolvimento e a implementação de ferramentas de identificação molecular de peixes comercializados são imprescindíveis para a identificação ao nível de espécie de organismos que se encontrem descaracterizados, como nos tubarões e raias vendidos sem cabeça, nadadeiras e cauda. Dentre as principais técnicas empregadas para discriminação desses animais, destacam-se o PCR-RFLP (digestão do material genético por enzimas gerando padrões de bandas distintos) e o Multiplex PCR (múltiplos primers permitindo a discriminação simultaneamente de várias espécies); **OBJETIVO:** Avaliar a produção científica sobre o desenvolvimento e a implementação de ferramentas de identificação molecular para a identificação de tubarões e raias, baseadas nas técnicas de PCR-RFLP e Multiplex PCR; **METODOLOGIA:** Foi realizado em julho de 2024 uma busca na base de dados *Scopus*, usando as palavras-chave "PCR-RFLP", "Multiplex PCR", "Elasmobranch", "Stingray", "Batoidea", "Skates" e "Sharks". Os metadados referentes a citação, resumos, palavra-chave, referências bibliográficas exportados foram analisados com os pacotes "bibliometrix" e "shiny" do RStudio12.1; **RESULTADOS:** A pesquisa recuperou 24 artigos, dos quais 3 foram desconsiderados por fugirem do escopo da pesquisa após leitura de títulos e resumos. Os 21 artigos incluídos foram publicados em 15 periódicos diferentes, entre os anos de 2001 a 2022. Sendo *Conservation Genetics Resources* o periódico que mais publicou (com 3 artigos) e os anos de maiores publicações, 2009 e 2019 (ambos com 3 artigos). Um total de 72 autores realizou estes estudos, tendo Cardeñosa, D. e Chapman, D. D. os autores que mais contribuíram para a temática, com quatro artigos cada. Os dois artigos mais antigos publicados apresentaram as maiores quantidades de citações (Chapman et al., 2003 = 95 citações; Pank et al., 2001 = 68). Das 321 palavras-chave, as mais recorrentes foram "chondrichthyes" e "shark" com 14 e 11 citações, respectivamente; **CONCLUSÕES:** O aumento na produção científica sobre a temática ao longo dos anos contribui para uma avaliação mais fiel dos tubarões e raias capturados e comercializados, uma vez que cada pesquisa desenvolve ou implementa marcadores moleculares específicos para novas espécies.

Palavras-chave: Elasmobrânquios. Genética Forense. Marcadores Moleculares.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR DA DIVERSIDADE DE RAIAS PESCADAS/COMERCIALIZADAS NO LITORAL AMAZÔNICO BRASILEIRO

Tiago Sousa de Farias[1*]

[1]Programa de Pós-graduação em Aquicultura e Recursos Aquáticos Tropicas/Universidade Federal Rural da Amazônia (UFRA), Campus Belém, Pará, Brasil.
*Autor correspondente: tiagosousafarias22@gmail.com.

AT12: Outras áreas da biologia molecular

INTRODUÇÃO: A maioria dos produtos processados de raias são de difícil identificação a nível de espécie, sendo comumente vendidos sem cabeça e nadadeiras, muitas vezes misturados a outras espécies dificultando a sua identificação correta, esse processamento das raias é feito em mar aberto. A falta da devida identificação das espécies de raias devido essa descaracterização aliada ao uso de nomes comercias genéricos ("raia" e "arraia") dificulta a mensuração do impacto real de suas capturas. O uso da genética molecular, especialmente o gene mitocondrial *Cytochrome C Oxidase Subunit I* (COI), na identificação desses animais comercializados em mercados e feiras, assim como para os provenientes da atividade pesqueira vem se mostrando eficaz; **OBJETIVO:** Avaliar a diversidade de raias pescadas e comercializadas no litoral amazônico brasileiro identificadas com base em genes mitocondriais; **METODOLOGIA:** Foi realizado entre setembro e outubro de 2024 uma busca no *Google Scholar* direcionada a estudos sobre a identificação molecular de raias pescadas e comercialização no litoral amazônico brasileiro. Posteriormente foi analisada a diversidade de espécies encontradas na atividade pesqueira e na comercialização de pescado; **RESULTADOS:** Foram identificados um total de 13 espécies de raias pescadas e comercializadas no litoral amazônico brasileiro, com base nos genes mitocondriais *Cytochrome C Oxidase Subunit I* (COI) e 16S. Essa diversidade de raias pertence a três ordens, sete famílias e oito gêneros, destacando-se as famílias Dasyatidae (um gênero e três espécies) Myliobatidae (dois gêneros e três espécies) como as mais diversas. Os estudos analisados em sua maioria foram direcionados a identificação das espécies comercializadas em mercados de peixes, dessa forma a diversidade de espécies identificadas estava relacionada ao comércio (11 espécies, das quais sete foram encontradas exclusivamente no comércio). Das seis espécies identificadas na atividade pesqueira apenas duas não eram encontradas também no comércio; **CONCLUSÕES:** Tendo como base no presente resultados, notamos a eficiência das ferramentas moleculares na identificação das raias, de mesma forma como notamos uma maior diversidade de espécies relacionada ao comércio, uma vez que a maioria dos estudos analisados pertenciam ao comércio.

Palavras-chave: Espécies descaracterizadas. Genética Forense. Marcadores Moleculares.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

PREDIÇÃO DE NOVOS ALVOS TERAPÊUTICOS EM BACTÉRIAS MULTIRRESISTENTES POR MEIO DE MODELAGEM ESTRUTURAL E DOCKING MOLECULAR

Ruana Carolina Cabral da Silva[1]

[1]Universidade Federal da Grande Dourados/UFGD
*Autor correspondente: ruanacarolina08@gmail.com

AT12: Outras áreas da biologia molecular

INTRODUÇÃO: A resistência antimicrobiana compromete a eficácia de antibióticos tradicionais e representa uma ameaça crescente à saúde pública mundial. Diante desse cenário, a bioinformática aplicada à modelagem estrutural e ao *docking* molecular surge como ferramenta inovadora para identificar e caracterizar novos alvos terapêuticos em bactérias multirresistentes. **OBJETIVO:** Investigar as principais aplicações da modelagem estrutural e do *docking* molecular na predição e validação de alvos terapêuticos bacterianos. **METODOLOGIA:** Trata-se de uma revisão narrativa da literatura. A busca bibliográfica foi realizada nas bases PubMed, SciELO e Google Scholar, contemplando o período de 2014 a 2024. Foram utilizados os descritores em português e inglês: *"resistência antimicrobiana/antimicrobial resistance"*, *"modelagem estrutural/structural modeling"*, *"docking molecular/molecular docking"*, *"bioinformática/bioinformatics"* e *"novos alvos terapêuticos/new therapeutic targets"*, combinados com os operadores booleanos AND e OR. Como critérios de inclusão, foram selecionados 15 estudos que abordavam diretamente o uso de ferramentas de predição estrutural (como AlphaFold) e/ou plataformas de triagem virtual para avaliação de interações entre proteínas associadas à resistência e compostos inibitórios. Foram excluídos estudos duplicados, publicações em línguas que não fossem inglês e português e trabalhos que não discutissem diretamente a temática. **RESULTADOS:** O estudo identificou que o uso de bioinformática estrutural tem permitido compreender o impacto de mutações em alvos farmacológicos, bem como otimizar a seleção de moléculas com potencial antimicrobiano. As análises de *docking* molecular mostraram-se eficazes na predição da afinidade ligante-receptor, reduzindo o tempo e o custo de desenvolvimento de novos fármacos. Essa integração entre bancos de dados de resistência e análises *in silico* amplia as perspectivas de descoberta de compostos ativos contra bactérias multirresistentes. As pesquisas apontaram que além do uso para identificação de novos alvos, a observação das regiões funcionais de alvo/proteína, permitem a otimização de tratamentos já existentes. **CONCLUSÕES:** A aplicação de modelagem estrutural e *docking* molecular se consolida como estratégia essencial para enfrentar a resistência antimicrobiana, acelerando a identificação de novos alvos terapêuticos e o desenvolvimento de moléculas inovadoras.

Palavras-chave: Bioinformática. Novos Tratamentos. Resistência Antimicrobiana.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

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

REVISÃO DOS TÉCNICAS MOLECULARES USADAS NA RECONSTRUÇÃO FILOGENÉTICA DE MYRTEAE (MYRTACEAE): IMPLICAÇÕES TAXONÔMICAS PARA *Eugenia* L.

Flávio Antônio Zagotta Vital[1]*; Augusto Giaretta[2]; Miller Melo Sanches[1]; Renata Maria Strozi Alves Meira[1]

[1]Universidade Federal de Viçosa (UFV); [2]Universidade Federal da Grande Dourados (UFGD)
*Autor correspondente: flavio.vital@ufv.br

AT12: Outras áreas da biologia molecular

INTRODUÇÃO: Myrtaceae é taxonomicamente complexa, compreendendo cerca de 6.000 espécies, de distribuição Pantropical. A tribo Myrteae compreende cerca de 80 gêneros e 2.700 espécies, possui grande parte da sua distribuição na América do Sul, especialmente no Brasil. A elevada plasticidade morfológica e aparente convergência adaptativa de Myrteae resulta em dificuldades taxonômicas, particularmente na delimitação de gêneros e seções. Utilização de técnicas moleculares tem sido de grande relevância para melhorar a compreensão das relações infragenéricas e para avaliar processos evolutivos de diversificação. **OBJETIVO:** Revisar o histórico de utilização de técnicas moleculares em Myrteae, com foco em *Eugenia*. **METODOLOGIA:** Realizou-se uma revisão bibliográfica sistemática (2000–2025) nas bases Web of Science, Scopus, ScienceDirect e SciELO, empregando os seguintes descritores: "Myrteae", "molecular markers", "phylogeny", "target enrichment sequencing", "high-throughput sequencing" e "next generation sequencing". Foram categorizados os marcadores plastidiais e nucleares, no período de agosto a outubro de 2025 (íntrons ou éxons). **RESULTADOS:** Foram avaliados 12 artigos. Dentre os marcadores plastidiais, os genes codificadores (éxons) *mat*K e *ndh*F, embora decisivos na circunscrição de subfamílias, foi menos informativo em nível de tribo. Regiões não codificadoras (íntrons) como *trn*L-*trn*F, *psb*A-*trn*H, *rpl*16 e *trn*Q-*rps*16 mostraram maior eficiência para resolver relações interespecíficas, auxiliando na distinção de gêneros das 9 subtribos de Myrteae, principalmente Eugeniinae (*Eugenia* L., *Myrcianthes* O.Berg., *Pseudanamomis* Kausel). Em relação aos marcadores nucleares, espaçadores ribossomais ITS (Internal Transcribed Spacer) e ETS (External Transcribed Spacer) (não codificadores), em certa medida, foram divergentes daqueles plastidiais, dentre outros motivos, devido a presença de genes parálogos, contribuído para reconstruções filogenéticas com baixo suporte e topologias instáveis. O emprego do sequenciamento *target capture* de 353 genes de cópias únicas (*single-copy genes*) se mostrou relevante para melhorar a resolução filogenética e sustentação dos clados em *Eugenia*, especialmente para as seções *Pseudeugenia, Phyllocalyx*, *Speciosae*, *Racemosae* e *Eugenia*, revelando novos clados em *Eugenia* sect. *Umbellatae*, grupo que abriga cerca de metade das espécies do gênero. **CONCLUSÕES:** A integração de éxons, íntrons e espaçadores moleculares melhorou a resolução e sustentação de *Eugenia*, reconhecendo e delimitando seções conflituosas, como *Speciosae* e *Phyllocalyx*. O kit universal de 353 genes nucleares ortólogos permitiu melhorar a resolução das relações interespecíficas e a reavaliação de seções, fornecendo o arcabouço filogenético para a realização investigações evolutivas. O emprego de técnicas moleculares, especialmente abordagens genômicas, possibilitaram a circunscrição robusta de *Eugenia* e de seus grupos infragenéricos. Lacunas remanescentes, que podem ser beneficiadas por filogenias robustas, podem ser preenchidas por abordagens morfoanatômicas.

Palavras-chave: Éxon. Filogenia. Íntron. Marcadores moleculares. Sequenciamento de elevada eficiência.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

Agradecimentos e financiamento

Agradeço à Universidade Federal de Viçosa (UFV), pela excelência acadêmica e pelo ambiente científico que possibilitaram o desenvolvimento desta pesquisa. Estendo meu reconhecimento à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG) pelo apoio financeiro, indispensável para a consolidação deste trabalho e para o fortalecimento da ciência no Brasil.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

EFEITO PROTETOR DO EXERCÍCIO FÍSICO NO RETARDO DO ENCURTAMENTO DOS TELÔMEROS

Tatiana Melo Bastos [1] *; Daniela Costa Silva[1, 2]

[1]Universidade Estácio de Sá; [2]Universidade Veiga de Almeida

*Autor correspondente: tatianamelo2207@gmail.com

AT12: Outras áreas da biologia molecular

INTRODUÇÃO: O envelhecimento acelerado pode ser desencadeado pelo aumento do estresse oxidativo e da liberação de citocinas pró-inflamatórias, promovendo a senescência celular. Esse processo está diretamente relacionado ao encurtamento dos telômeros, estruturas localizadas nas extremidades dos cromossomos e consideradas marcadores biológicos do envelhecimento, cujo ritmo é influenciado pelos hábitos de vida, destacando-se a prática regular de exercício físico. Esse estresse acontece quando a produção de radicais livres supera a capacidade do organismo de neutralizá-los, podendo levar à senescência celular e ao envelhecimento precoce. **OBJETIVO:** Analisar as evidências disponíveis acerca dos efeitos do exercício físico constante na integridade dos telômeros e seu potencial na saúde e longevidade. **METODOLOGIA:** Este trabalho foi elaborado a partir de uma revisão integrativa com uma busca sistematizada na base de dados PubMed, Scielo e BVS utilizando os seguintes descritores e operadores booleanos: "telomere" AND "exercise". A revisão englobou estudos observacionais, transversais, meta-análises e ensaios clínicos randomizados, dos últimos cinco anos, em português e em inglês. **RESULTADOS:** Após a aplicação dos filtros, foram identificados 64 artigos. Destes, 24 atenderam integralmente aos critérios de inclusão e foram selecionados para leitura completa. Estudos demonstraram que a atividade aeróbica apresentou melhores resultados no aumento da telomerase em comparação à exercícios de força. Mostrando também que exercícios de resistência moderada são mais eficazes do que os de baixa intensidade a fim de reduzir o estresse oxidativo. Porém, sendo necessária a continuidade de sua prática ao longo do tempo. Não houve dados significativos para os atletas de alta performance, como ultramaratonistas, comparados a corredores comuns. Além disso, em pacientes com insuficiência cardíaca e diabetes, o exercício aeróbico reduziu a inflamação com destaque para citocinas (IL-1β, IL-6, TNF-α), protegendo contra o estresse oxidativo e o encurtamento telomérico. **Conclusão:** O exercício físico tem relação positiva com o retardo do encurtamento dos telômeros, se apresentando como um recurso fundamental na prevenção e manutenção da saúde. Os achados indicam que o comprimento dos telômeros, o aumento da telomerase e a redução dos efeitos do estresse oxidativo estão diretamente relacionados com a prática do exercício físico, principalmente aeróbico e de resistência moderada a intensa.

Palavras-chave: Longevidade. Senescência celular. Telomerase.

Agradecimentos e financiamento

À Profa. Daniela Costa, minha orientadora, pelo carinho, e pela confiança depositada no meu trabalho.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

BIOTECNOLOGIA

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

BIOMARCADOR CALPROTECTINA: O USO DA BIOINFORMÁTICA PARA SUA ANÁLISE ESTRUTURAL E PROSPECÇÃO DE USO EM TESTES IMUNOCROMATOGRÁFICOS

Hugo Henrique da Silva Gugliotti[1]; Eliane Trovatti[2]

[1]Universidade de Araraquara; [2] Docente (Orientador) Biomateriais e Biotecnologia - Universidade de Araraquara
*Autor correspondente: hhsguliotti@uniara.edu.br

AT13: Biotecnologia

INTRODUÇÃO: A calprotectina fecal é uma proteína sintetizada pelos granulócitos quando ocorre inflamação nas paredes da mucosa intestinal. Já é utilizada como biomarcador para humanos, porém para os cães em casos de inflamação intestinal ainda são utilizados métodos que são invasivos e que podem gerar estresse no animal como biópsia e colonoscopia, sendo necessário o uso de sedativos para realizar esses exames. Os testes imunocromatográficos são como uma alternativa e auxiliares na hora de um diagnóstico, são rápidas na detecção, seguras e eficazes, sendo um apoio para o médico veterinário no diagnóstico. As origens das inflamações no intestino podem ser tanto genéticas ou fatores externos como dieta. As inflamações intestinais podem estar relacionadas com o surgimento de futuros cânceres intestinais, tendo o uso do teste imunocromatográfico como uma alternativa de diagnóstico preventivo. **OBJETIVO:** A proposta deste trabalho é a compreensão da estrutura desta molécula e de sua interação com outras moléculas no organismo, por bioinformática, visando o design de um protótipo de um teste diagnóstico para detecção de calprotectina por imunocromatografia de fluxo lateral em fezes de animais, nomeadamente cães. **METODOLOGIA:** Para o estudo da estrutura molecular serão utilizadas bases de dados genômicos e proteicos gratuitos (NCBI e PUBMED). Após o estudo estrutural e de interação com outras moléculas, será proposto um modelo teórico de um protótipo para a detecção de calprotectina por imunocromatografia de fluxo lateral em fezes de animais (cães). **Resultados parciais:** O trabalho se encontra ainda em desenvolvimento, e no momento foram realizados a análise estrutural da calprotectina e suas estruturas, no entanto não encontrou-se sua estrutura nos bancos de dados proteicos. A próxima etapa será a busca da estrutura da proteína em trabalhos de pesquisas, para poder trabalhar-se com esta estrutura nos bancos de dados, em busca de uma solução para essa proposta. **CONCLUSÕES:** A proteína calprotectina fecal é uma proteína inflamatória produzida pelos neutrófilos pelas perturbações que ocorrem em na parede da mucosa intestinal. Para o diagnóstico de inflamações intestinais em cães ainda são utilizados métodos invasivos: biópsia e colonoscopia. A proposta e design do kit de teste imunocromatográfico de fluxo lateral para detectar a calprotectina é um método eficaz e menos invasivo, auxiliando o veterinário na hora do diagnóstico e na prevenção de doenças relacionadas com inflamação intestinal.

Palavras-chave: Bioinformática. Calprotectina. Fecal. Proteína.

Agradecimentos e financiamento
Quero agradecer a minha orientadora pelo conhecimento e me encaixar no projeto, e a FUNADESP pelo financiamento do projeto.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

CARACTERIZAÇÃO FILOGENÉTICA *IN SILICO* DE LECTINA DE *Bauhinia holophylla*

Ludmila Maria Gonçalves Godoi de Camargos[1]; Débora de Oliveira Lopes[2]; Ana Hortência Fonseca Castro[3]*

[1, 2, 3]Universidade Federal de São João del Rei – Campus Centro-Oeste.
*Autor correspondente: acastro@ufsj.edu.br

AT13: Biotecnologia

INTRODUÇÃO: Avanços nas áreas biotecnológicas e de biologia molecular têm permitido o sequenciamento em massa do genoma de diversos organismos, o que permite estudos mais detalhados de sequências proteicas, além da predição de funções biológicas e relações evolutivas. Uma vez que o genoma de uma espécie vegetal é sequenciado, a bioinformática pode ser usada como uma ferramenta complementar para caracterização das proteínas por ele codificadas e otimização de protocolos de estudos, *in vivo* e *in vitro*. As lectinas vegetais são proteínas ou glicoproteínas de origem não imune, capazes de se ligar reversivelmente a carboidratos específicos, sem causar alterações em sua estrutura. Essas macromoléculas encontram-se distribuídas entre os diferentes reinos dos seres vivos e participam diretamente de diversos processos biológicos, dentre eles reconhecimento celular, processos inflamatórios, sinalização de vias metabólicas, proteção e defesa contra patógenos e predadores, transporte de hormônios vegetais e interações simbióticas planta-microrganismo. **OBJETIVO:** O objetivo deste trabalho foi prever, através de ferramentas *in silico*, as relações filogenéticas entre uma lectina expressa em *Bauhinia holophylla* (Fabaceae: Cercideae) (BhL) e sequências homólogas já depositadas em bancos de dados. **METODOLOGIA:** Inicialmente, ferramentas biotecnológicas e técnicas de biologia molecular foram empregadas para estabelecimento *in vitro* e indução de calos vegetais em *B. holophylla*, extração do DNA genômico, amplificação e, posterior, sequenciamento do gene que codifica a proteína de interesse. Uma vez obtida a sequência gênica, utilizou-se o programa *BLASTn* para análise de similaridade e busca por sequências nucleotídicas homólogas ao gene de BhL. Para identificar regiões conservadas, sequências proteicas de *B. forficata*, *B. variegata*, *B. purpurea* e *B. ungulata*, que apresentaram maior similaridade foram alinhadas e comparadas à BhL, utilizando o programa *MultiAlin*. A biologia evolutiva e as semelhanças funcionais entre BhL e lectinas expressas nas espécies *B. forficata*, *B. purpurea*, *B. ungulata* e *B. variegata* foram preditas usando o servidor *Clustal Omega*. **RESULTADOS:** Observou-se alta similaridade entre o gene que codifica BhL e sequências de nucleotídeos que codificam lectinas expressas por outras espécies de *Bauhinia*, além de alta identidade entre a sequência proteica de BhL e lectinas de *B. forficata* (90%), *B. variegata* (79,04%), *B. purpurea* (78,01%) e *B. ungulata* (85,27%). **CONCLUSÕES:** A análise filogenética demonstrou que BhL compartilha um ancestral comum mais recente com a lectina expressa em *B. Forficata*, além de alta similaridade e identidade em relação a outras lectinas expressas no gênero *Bauhinia*.

Palavras-chave: Bioinformática. Cerrado. Cultivo in vitro. Filogenia. Leguminosas.

Agradecimentos e financiamento: FAPEMIG, CNPq, CAPES e UFSJ.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

COMPETIÇÃO CELULAR ENTRE SUBPOPULAÇÕES DE CÉLULAS-TRONCO DERIVADAS DA POLPA DENTÁRIA

Júlia Seganfredo[1]; Ana Helena Selenko[1]; Mateus de Oliveira Lisboa[1]; Anna Beatriz Seara Schlickmann[1]; Tatiane Mie Arakaki Moraes da Silva[1]; Paulo Roberto Slud Brofman[1]; Letícia Fracaro[1]

[1]Núcleo de Tecnologia Celular- Pontifícia Universidade Católica do Paraná
*Júlia Seganfredo: juseganfredo@gmail.com

AT13: Biotecnologia

INTRODUÇÃO: A polpa dentária representa uma fonte viável e acessível de células-tronco mesenquimais (CTM), com potenciais aplicações na medicina regenerativa. É uma fonte com coleta pouco invasiva e apresenta características relacionadas a tecidos neuronais. Evidências sugerem a presença de subpopulações celulares com comportamentos distintos entre as CTM derivadas da polpa dentária (DPSC). É relevante investigar suas propriedades biológicas e variações na capacidade proliferativa, visando à padronização de culturas celulares e aprimoramento de protocolos. **OBJETIVO:** Co-cultivar as subpopulações de DPSC da coroa e da raiz e comparar a vantagem proliferativa. **METODOLOGIA:** Este estudo foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa da PUCPR (5.409.680). Foram coletados cinco dentes permanentes de diferentes indivíduos (n=5) com idades entre 18 e 25 anos. As DPSC foram isoladas e cultivadas a partir de duas regiões do dente: coroa (DPSC-C) e raiz (DPSC-R). O potencial clonogênico foi avaliado pelo ensaio de unidades formadoras de colônias fibroblastóides (CFU-F). A taxa de proliferação celular após 24 horas de cultivo foi quantificada por citometria de fluxo, utilizando o kit Click-iT™ EdU. O bandeamento G verificou a estabilidade genética das DPSC. Para analisar a vantagem proliferativa, as DPSC-R foram coradas com PKH26 (vermelho) e as DPSC-C com PKH67 (verde). Ambas foram co-cultivadas durante quatro dias. Em seguida, as amostras foram avaliadas por citometria de fluxo e microscopia. Para análise por microscopia, as células foram fixadas e seus núcleos foram corados com 4',6-diamidino-2-fenilindol (DAPI), sendo posteriormente fotografadas. As análises estatísticas foram realizadas no GraphPad Prism (v 10.1.1 MacOS) e os dados foram expressos como média ± desvio padrão (DP), sendo analisados pelo teste *t* de Student ($p<0,05$). **RESULTADOS:** Após o isolamento, ambas as subpopulações exibiram morfologia fibroblastóide e aderência ao plástico, características de CTM. Na contagem de colônias (CFU-F), foi observada diferença significativa entre as subpopulações ($p=0,0014$), com as DPSC-R formando um número significativamente maior de colônias por poço (5,83±2,52) em comparação às DPSC-C (2,58±1,78). DPSC-R apresentaram uma taxa maior de proliferação (75,48%±14,05) em relação às DPSC-C (45,78%±22,08; $p=0,0348$). Ambas apresentaram cariótipos normais, sugerindo estabilidade genética durante o cultivo. No co-cultivo, observou-se uma média de 41,5% de DPSC-C (41,55 ± 0,78) e 53,6% de DPSC-R (53,65 ± 3,75) entre as células marcadas, evidenciando uma vantagem proliferativa das DPSC-R em relação às DPSC-C. **CONCLUSÕES:** As DPSC-R demonstraram maior potencial proliferativo e clonogênico em comparação às DPSC-C, indicando uma possível vantagem em condições de cultivo. Entretanto, outras características funcionais precisam ser investigadas futuramente.

Palavras-chave: Células-tronco mesenquimais. Co-cultivo. Proliferação.

Agradecimentos e financiamento
Clínica odontológica M&M**,** INCT- REGENERA e ICT-PUCPR.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

IDENTIFICAÇÃO DE GENES CODIFICADORES DE CCCH-ZF EM FEIJÃO-CAUPI [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.]

Gleyson Kelve Almeida de Souza[1]; Valquíria da Silva[2]; Ederson Akio Kido[3]

[1;2;3]Universidade Federal de Pernambuco
*Autor correspondente: gleyson8798@gmail.com

AT13: Biotecnologia

INTRODUÇÃO: O feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp] é uma cultura essencial no Brasil, fonte importante de proteínas e nutrientes. Apesar de sua tolerância à seca, a produtividade ainda é afetada por esse estresse. Plantas ativam mecanismos de defesa por meio de genes reguladores, como os fatores de transcrição (FTs). Nesse contexto, as proteínas CCCH Zinc-Finger são fundamentais na adaptação a estresses abióticos. Entretanto os membros desta família não foram identificados no feijão-caupi, e seu comportamento ainda permanece desconhecido. **OBJETIVO:** O presente trabalho objetivou identificar genes codificadores de CCCH-ZF no genoma do feijão-caupi bem como caracterizar os domínios CCCH-ZF presentes em suas respectivas proteínas. **METODOLOGIA:** Para tanto, proteínas CCCH-ZF curadas de *Arabidopsis thaliana* (*UniProt/SwissProt*) foram recuperadas e alinhadas contra o proteoma de *V. unguiculata* (NCBI) via BLASTp (*e-value* < $1e^{-10}$). As sequências candidatas tiveram suas anotações confirmadas através da utilização das ferramentas SMART e CD-SEARCH. Para esse estudo, foram consideradas como membros CCCH-ZF apenas aquelas contendo ao menos 1 domínio CCCH-ZF típico em suas respectivas sequências. Os domínios dedo de zinco CCCH-ZF foram então analisados e classificados conforme variações no número e tipo de aminoácidos entre os aminoácidos cisteína e histidina. Por fim, os genes correspondentes foram identificados a partir da anotação de suas respectivas proteínas. **RESULTADOS:** O alinhamento de similaridade identificou 129 proteínas em *V. unguiculata*, codificadas por 61 genes, com um total de 235 domínios CCCH-ZF detectados. É relatado que proteínas CCCH-ZF podem apresentar de 1 a 6 cópias do domínio CCCH-ZF, entretanto em *V. unguiculata* observou-se no máximo cinco cópias, sendo a presença de uma única repetição do domínio a mais frequente em suas proteínas. Ainda, a análise estrutural dos domínios CCCH-ZF revelou cinco tipos de configurações, definidos pelo número de aminoácidos espaçadores presentes entre os resíduos *Cys* e *His* conservados. Dentre elas, as formas C-X_7-C-X_5-C-X_3-H e C-X_8-C-X_5-C-X_3-H foram as mais comuns. Esses resultados corroboram dados previamente relatados para espécies modelo, como *A. thaliana* e *Oryza sativa*. **CONCLUSÕES:** O presente estudo representa a primeira caracterização das proteínas CCCH-ZF em *V. unguiculata*, fornecendo uma base sólida para estudos funcionais futuros. Espera-se que esses dados subsidiem o desenvolvimento de marcadores moleculares para programas de melhoramento genético, especialmente caso se identifiquem variações na expressão dessa família gênica relacionadas à tolerância a estresses abióticos.

Palavras-chave: Caracterização gênica. Marcadores moleculares. Melhoramento genético.

Agradecimentos e financiamento
Universidade Federal de Pernambuco, Laboratório de Genética Molecular de Plantas, Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES), Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

SEXAGEM ESPERMÁTICA E FECUNDAÇÃO *IN VITRO*: TECNOLOGIAS AVANÇADAS PARA POTENCIALIZAR O GANHO GENÉTICO EM BOVINOS

Clara Dantas Ferreira[1]

[1]Centro universitário Maurício de Nassau
*Autor correspondente: Tlaraakakii068@gmail.com

AT13: Biotecnologia

INTRODUÇÃO: A pecuária de precisão busca soluções inovadoras para melhorar a eficiência reprodutiva e acelerar o progresso genético dos rebanhos. Nesse cenário, a sexagem espermática, que separa espermatozoides portadores dos cromossomos X e Y, combinada à fecundação in vitro (FIV), tem se mostrado uma ferramenta promissora. Essa associação permite direcionar a produção de fêmeas de reposição ou machos para o abate, trazendo ganhos econômicos importantes. Apesar dos avanços, ainda existem desafios, como a menor viabilidade do sêmen após a separação e a necessidade de melhorar as taxas de concepção in vitro. **OBJETIVO:** Analisar os avanços recentes nas técnicas de sexagem do sêmen e sua utilização em conjunto com a FIV, avaliando seus impactos no melhoramento genético e no desempenho zootécnico dos animais. **METODOLOGIA:** Foi realizada uma revisão de literatura nas bases PubMed, SciELO e Scopus, utilizando os termos "bovinos", "fertilização in vitro", "ganho genético", "seleção espermática" e "viabilidade espermática". Foram considerados artigos publicados entre 2019 e 2024, incluindo estudos originais e revisões que abordassem inovações, eficiência, limitações e perspectivas futuras dessas biotecnologias. **RESULTADOS:** A citometria de fluxo continua sendo o método mais preciso para a separação de espermatozoides, atingindo índices de pureza acima de 90%. Também foram observados avanços nos protocolos de criopreservação, que reduziram danos celulares e melhoraram as taxas de fertilização in vitro. O uso de sêmen sexado na FIV apresentou resultados próximos aos do sêmen convencional, especialmente com a melhoria dos meios de cultura, possibilitando a produção de blastocistos de forma mais eficiente. A integração dessas técnicas contribuiu diretamente para acelerar o progresso genético, permitindo a obtenção de embriões do sexo desejado com qualidade comprovada. **CONCLUSÕES:** A combinação da sexagem espermática com a FIV representa um recurso estratégico para o desenvolvimento da pecuária moderna. O aperfeiçoamento constante dessas biotecnologias é essencial para torná-las mais acessíveis e eficientes. Quando aplicadas de forma planejada, contribuem para o melhoramento genético do rebanho e para a produção de animais de alto valor, em sintonia com as exigências de produtividade, qualidade e sustentabilidade do setor.

Palavras-chave: Blastocisto. Citometria de fluxo. Criopreservação. Eficiência reprodutiva. Pecuária de precisão.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

MUTAÇÕES GÊNICAS: FUNDAMENTOS PARA O AVANÇO DO DIAGNÓSTICO E DA TERAPIA MOLECULAR

Alicia de Oliveira Alves[1]; Daniela Costa Silva[2]

[1]Universidade Veiga de Almeida - UVA/Graduanda em Biomedicina; [2]Universidade Veiga de Almeida - UVA/Orientadora
*Autor correspondente: allycia.oliveira.alves@gmail.com

AT13: Biotecnologia

INTRODUÇÃO: As mutações gênicas são alterações permanentes na sequência do DNA que podem modificar a estrutura e a função de proteínas essenciais, afetando processos celulares fundamentais. Compreender sua origem e impacto é decisivo para o avanço do diagnóstico molecular e o desenvolvimento de terapias de precisão. O progresso das tecnologias de biologia molecular transformou a forma como as mutações são identificadas e interpretadas. Métodos como a reação em cadeia da polimerase em tempo real (qPCR) e o sequenciamento de nova geração (NGS) tornaram-se indispensáveis para a detecção de variantes genéticas e o estabelecimento de perfis moleculares personalizados. Ferramentas de edição gênica programável, como o CRISPR-Cas9, também vêm sendo aplicadas em plataformas diagnósticas de alta sensibilidade, como SHERLOCK e DETECTR. Técnicas emergentes, como o base editing e o prime editing, possibilitam correções pontuais no DNA com mínima indução de quebras, reduzindo riscos de efeitos off-target e ampliando as perspectivas terapêuticas. A incorporação de inteligência artificial (IA) e machine learning potencializa a predição de variantes patogênicas e o delineamento de terapias personalizadas. Paralelamente, a nanotecnologia e os organoides humanos têm permitido validar, de forma funcional, mutações e intervenções in vitro, aproximando pesquisa e prática clínica. **OBJETIVO:** Evidenciar como o estudo das mutações gênicas impulsiona inovações diagnósticas e terapêuticas, com foco no diagnóstico molecular e na terapia gênica de precisão. **METODOLOGIA:** Revisão narrativa da literatura científica realizada nas bases PubMed, ScienceDirect e complementada por artigos revisados por pares publicados entre 2020 e 2025, incluindo periódicos do grupo Nature e estudos especializados em diagnóstico molecular, edição gênica e terapia gênica. **RESULTADOS:** Os estudos revisados demonstram que o mapeamento preciso das mutações gênicas sustenta o desenvolvimento de testes diagnósticos sensíveis e específicos, fundamentais para a detecção precoce de doenças genéticas e neoplásicas. Tecnologias como qPCR e NGS ampliaram a capacidade de análise molecular, enquanto o uso de CRISPR-Cas9, IA e organoides humanos tem favorecido a identificação de mutações patogênicas e a validação de abordagens terapêuticas em modelos experimentais. **CONCLUSÕES:** A integração de técnicas avançadas de biologia molecular e inteligência artificial tem revolucionado o diagnóstico e o tratamento de doenças de base genética. Essas inovações consolidam um novo paradigma na biotecnologia médica, sustentando a evolução da medicina de precisão e das terapias gênicas avançadas.

Palavras-chave: Biotecnologia. Genética. Edição gênica. Inovação terapêutica. Medicina de precisão.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

O PAPEL DA INTELIGÊNCIA ARTIFICIAL NA OTIMIZAÇÃO DE DIAGNÓSTICOS NA SAÚDE

Dácio Dacliélio Tenório da Silva[1]; Taiane Martins Alves[2]; Marcos Antonio Nobrega de Sousa[3]

[1, 2]Estudante de Graduação em Licenciatura em Ciências Biológicas, Universidade Federal de Campina Grande – UFCG/CSTR/UACB; [3]Doutor em Genética pela Universidade de São Paulo – USP/ Professor Associado da Universidade Federal de Campina Grande – UFCG/CSTR/UACB
*Autor correspondente: daciosilva90@hgmail.com

AT13: Biotecnologia

INTRODUÇÃO: A inteligência Artificial ou IA, é uma área da ciência da computação que desenvolve sistemas computacionais capazes de simular a capacidade humana de analisar um problema, e trazer soluções. Deste modo, ela tem se expandido, inclusive na área de saúde de forma a proporcionar melhorias na precisão e velocidade na análise de dados, muitas vezes, superando a análise humana. **OBJETIVO:** Mapear quais doenças humanas tem utilizado a IA no auxílio ao diagnóstico. **METODOLOGIA:** Revisão de literatura realizada por meio de busca nas bases de dados bibliográficas Scielo e Web of Science. Foram empregados os seguintes *strings* de busca e operadores boleanos: "artificial intelligence and disease diagnosis". Critérios de inclusão: Período de 5 anos (2019 a 2024); registro que abordasse o assunto. Tipo de documento: artigo científico. Linguagem escolhida: português ou inglês. **RESULTADOS:** Inicialmente foram obtidos 1.861 registros. Após aplicação dos filtros de idioma, período, tipo de material, e eliminação de 24 duplicados, restaram 108 artigos distribuídos, nove na Scielo e 99 na Web of Science. Restaram 108 artigos para análise dos dados completos. Os dados dos artigos foram adquiridos das bases científicas e o material foi enviado para o site Rayyan. Neste site foi realizada uma seleção dos artigos em análise duplo cego, por dois avaliadores, e houve o auxílio de um terceiro revisor para resolver os possíveis conflitos de seleção dos artigos pelos outros dois pesquisadores. Nesta análise foram verificados os títulos, resumos e foi realizada a leitura dos artigos completos. Deste modo, foram selecionados 83 artigos para a realização desta pesquisa. Foi visto que a utilização de IA foi associada em uma maior quantidade em várias doenças diferentes categorizadas como outras 47%, Covid-19 22%, Câncer e Doenças cardiovasculares, 8% cada uma, sem citação de doença específica com 6%, Alzheimer 5%, e por último, hanseníase, com 4% de citações. Os artigos foram publicados de 2021 a 2024, não tiveram nenhum registro nos anos de 2019 e 2020. 2024 foi o ano com maior publicação com 33%, seguido por 2021 24%, 2023 21% e 2022 20%. A IA foi mais utilizada na identificação da Covid-19 possivelmente devido à ocorrência da pandemia, que exigiu dos profissionais da saúde maior agilidade nos diagnósticos. **CONCLUSÕES:** A revisão de literatura realizada demonstrou que a aplicação da inteligência artificial (IA) na otimização de diagnósticos em saúde tem apresentado uma crescente importância no diagnóstico de diferentes condições clínicas com destaque para a Covid-19, como doença específica.

Palavras-chave: Doenças. Inteligência artificial. Diagnósticos. Saúde.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

O USO DA BIOTECNOLOGIA PARA MELHORAMENTO GENÉTICO EM GADO LEITEIRO: REVISÃO DE LITERATURA

Carolina Ribeiro Rossan[1]

[1]FAM- Faculdade De Americana
*Autor correspondente: Carolinarossan@fam.edu.br

AT13: Biotecnologia

INTRODUÇÃO: No melhoramento genético de vacas leiteiras, a biotecnologia desempenha um papel fundamental, pois contribui significativamente para elevar a produtividade e a qualidade do leite. As tecnologias reprodutivas, aliadas ao avanço das técnicas de seleção e edição genômica, permitem a identificação de animais com maior potencial sanitário, produtivo e reprodutivo. **OBJETIVO:** O objetivo deste estudo foi verificar os principais avanços científicos e as aplicações práticas das biotecnologias utilizadas no melhoramento genético de bovinos leiteiros, destacando seu impacto na eficiência e sustentabilidade da produção. **METODOLOGIA:** O trabalho foi desenvolvido por meio de uma revisão bibliográfica integrativa realizada entre agosto e setembro de 2025, nas bases BMC, SciELO e PubMed, utilizando-se os descritores: "biotecnologia reprodutiva", "melhoramento genético bovino", "seleção genômica" e "eficiência produtiva". Foram identificados 42 artigos, dos quais 28 atenderam aos critérios de inclusão como publicações em português ou inglês, acesso completo e abordagem direta sobre biotecnologias aplicadas à pecuária leiteira. Foram excluídos estudos duplicados, relatos de caso isolados e artigos sem metodologia definida. A análise foi conduzida de forma descritiva e comparativa, considerando as principais técnicas relatadas e seus impactos produtivos e ambientais. **RESULTADOS:** Os estudos demonstraram que a integração entre ferramentas biotecnológicas e seleção genômica impulsiona o desenvolvimento genético de rebanhos, reduzindo o intervalo entre gerações e aumentando a precisão na escolha de reprodutores. Pesquisas com associação genômica ampla identificaram genes e variantes funcionais, como IGF-I, GHMFGEE8 e PDLA3, relacionados à produção, composição do leite e saúde animal. Além disso, o uso de modelos computacionais e redes neurais biológicas tem aprimorado a predição de características de interesse econômico, otimizando a seleção de animais superiores. **CONCLUSÕES:** Conclui-se que o uso de biotecnologias aliado ao manejo reprodutivo representa uma estratégia eficaz e sustentável para o progresso da pecuária leiteira, promovendo ganhos genéticos permanentes, bem-estar animal e redução no uso de insumos. Assim, o melhoramento genético por meio da biotecnologia consolida-se como um pilar essencial para a eficiência e sustentabilidade da produção de leite e seus derivados.

Palavras-chave: Gado leiteiro. Genética. Produtividade.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

POTENCIAL ANTINEOPLÁSICO DE COMPOSTOS DERIVADOS DE PLANTAS: UMA REVISÃO DE LITERATURA

Matheus Bastos Vasconcelos[1 *]; Mayron Guedes Silva[2]; Raphael Guedes Silva[1]; Rachel Melo Ribeiro[1]; Marilene Oliveira da Rocha Borges[3]

[1]Programa de Pós-Graduação em Ciências da Saúde, Universidade Federal do Maranhão (UFMA); [2]Programa de Pós-Graduação em Odontologia, Universidade Federal do Maranhão (UFMA); [3]Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia da Rede Renorbio, Universidade Federal do Maranhão (UFMA)
*Autor correspondente: matheus.bastos@discente.ufma.br

AT13: Biotecnologia

INTRODUÇÃO: Produtos de origem vegetal, usados na medicina tradicional, são uma fonte importante para o desenvolvimento de novos fármacos, com várias substâncias demonstrando efeito antineoplásico por diferentes mecanismos. Esta revisão analisa compostos destacados nos últimos 12 anos por sua atividade antitumoral: emodina, genisteína, luteolina, partenolídeo, quercetina, resveratrol e ácido betulínico. **OBJETIVO:** Sintetizar informações sobre essas substâncias, suas origens vegetais e mecanismos de ação. **METODOLOGIA:** Realizou-se busca nas bases MEDLINE via PubMed, SciELO, LILACS e Google Scholar, utilizando descritores e sinônimos DeCS/MeSH relacionados ao tema, combinados por operadores booleanos ("*OR*" e "*AND*"). A estratégia de busca foi adaptada para cada base de dados: *((plantas OR "produtos naturais" OR "derivados de plantas" OR "plantas medicinais") AND (antineoplásicos OR anticâncer))* e sua versão equivalente em inglês. Foram incluídos estudos clínicos e experimentais (animais/células), publicados entre 2012 e 2024, em inglês ou português, com resumo e texto completo disponíveis. Excluíram-se revisões, relatos de caso, resumos e artigos irrelevantes ao tema. A seleção foi conduzida por dois avaliadores independentes. **RESULTADOS:** Foram incluídos 47 estudos (27 *in vitro*, 15 *in vivo* e 5 clínicos em estágios iniciais). A genisteína (9 estudos) foi a mais investigada, sobretudo em câncer colorretal, mama e ovário, apresentando bloqueio do ciclo celular, indução de apoptose, inibição de metástase e efeito preventivo em modelos animais. O resveratrol (9) também recebeu ampla atenção, associado à redução de metástases em cólon e pulmão, com reversão de EMT pela via AKT/GSK-3β/Snail e indução de apoptose. A luteolina (8) mostrou relevância em glioblastoma, mama e pulmão, reduzindo viabilidade tumoral, inibindo a via YAP/TAZ e aumentando a sensibilidade à radioterapia. A emodina (7) destacou-se em melanoma, cólon e pâncreas resistente à gemcitabina, com inibição da proliferação, apoptose dose-dependente e sensibilização à quimioterapia. O partenolídeo (5) apresentou efeito marcante em linfoma e câncer colorretal, potencializando a ação da TRAIL e ativando apoptose mediada por caspases. O ácido betulínico (5) foi relevante em câncer colorretal, gástrico e melanoma, regulando Bax/Bcl-2, inibindo VASP e exercendo forte efeito antimetastático em modelos animais. Por fim, a quercetina (4) foi explorada em câncer pancreático resistente e próstata, potencializando a gemcitabina, induzindo apoptose/necrose e reduzindo a carcinogênese em modelos animais. **Conclusão:** Os achados reforçam o potencial anticâncer de compostos naturais, especialmente em modelos pré-clínicos, mas evidenciam lacunas em ensaios clínicos e limitações como heterogeneidade dos estudos e escassez de dados em humanos, destacando a necessidade de investigações clínicas rigorosas para validar seu uso terapêutico.

Palavras-chave: Antineoplásicos. Fitoquímicos. Neoplasias. Produtos naturais.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

PRÓPOLIS E SEUS COMPOSTOS BIOATIVOS NA ATIVIDADE ANTICÂNCER ORAL: UMA ANÁLISE BIBLIOMÉTRICA

Mayron Guedes Silva[1 *]; Matheus Bastos Vasconcelos[2]; Raphael Guedes Silva[2]; Diego Muniz Martins[3]; Rachel Melo Ribeiro[2]; Marilene Oliveira da Rocha Borges[4]

[1]Programa de Pós-Graduação em Odontologia, Universidade Federal do Maranhão (UFMA);[2] Programa de Pós-Graduação em Ciências da Saúde, Universidade Federal do Maranhão (UFMA); [3] Departamento de Farmácia, Universidade Federal do Maranhão (UFMA); [4]Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia da Rede Renorbio, Universidade Federal do Maranhão (UFMA)
*Autor correspondente: mayron.guedes@discente.ufma.br

AT13: Biotecnologia

INTRODUÇÃO: Diante da crescente busca por compostos de origem vegetal com potencial terapêutico, a própolis tem se destacado por suas evidências de atividade antineoplásica. **OBJETIVO:** Realizar uma revisão bibliométrica da produção científica relacionada à atividade anticâncer da própolis e de seus compostos bioativos, visando mapear o estado atual do conhecimento na área e fornecer subsídios que orientem o desenvolvimento de futuras pesquisas. **METODOLOGIA:** As buscas eletrônicas foram realizadas nas fontes de informação MEDLINE via PubMed, LILACS e SciELO, utilizando descritores DeCS/MeSH relacionados ao tema principal, combinados por operadores booleanos. Não houve restrição quanto à data ou ao idioma das publicações. Após a triagem dos estudos elegíveis, realizou-se a análise bibliométrica considerando o número de publicações anuais e sua distribuição geográfica, além do mapeamento das coocorrências de palavras-chave por meio do software VOSviewer. **RESULTADOS:** Após aplicação dos critérios de elegibilidade, 14 artigos foram incluídos nesta revissão. O número de publicações sobre o tema manteve-se baixo e irregular ao longo dos anos, com picos pontuais. O pico de publicações ocorreu em 2017, com dois artigos, representando o ápice da produção científica no período de 2000 a 2024. Nos anos seguintes, observou-se uma queda significativa no volume de estudos. Além da baixa produtividade, a pesquisa mostra-se geograficamente concentrada, com destaque para países asiáticos, como Coreia do Sul (3), Taiwan (3), Tailândia (1) e Irã (1). Fora da Ásia, apenas Brasil (2), Estados Unidos (2), Egito (1) e Polônia (1) apresentaram publicações sobre o tema. A análise de coocorrência de palavras-chave revelou três clusters principais. O Cluster 1 destaca estudos *in vitro* com foco na indução de apoptose em células tumorais humanas, especialmente no câncer oral, com ênfase nos ácidos cafeicos como termos-chave. O Cluster 2 concentra-se em modelos animais, abordando a ação quimiopreventiva da própolis frente à carcinogênese. Já o Cluster 3 foca em estudos *in vivo* sobre farmacodinâmica e regulação gênica, com ênfase no carcinoma de células escamosas. **Conclusão:** A produção científica sobre a atividade anticâncer da própolis é limitada e concentrada em poucos países, com foco principal em mecanismos moleculares e estudos pré-clínicos. Novas pesquisas são necessárias para aprofundar o conhecimento e validar o potencial terapêutico da própolis em modelos clínicos.

Palavras-chave: Antineoplásicos. Neoplasias bucais. Produtos naturais. Própolis.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

SEXAGEM ESPERMÁTICA E FECUNDAÇÃO *IN VITRO*: TECNOLOGIAS AVANÇADAS PARA POTENCIALIZAR O GANHO GENÉTICO EM BOVINOS

Clara Dantas Ferreira[1]

[1]Centro universitário Maurício de Nassau
*Autor correspondente: Tlaraakakii068@gmail.com

AT13: Biotecnologia

INTRODUÇÃO: A pecuária de precisão busca soluções inovadoras para melhorar a eficiência reprodutiva e acelerar o progresso genético dos rebanhos. Nesse cenário, a sexagem espermática, que separa espermatozoides portadores dos cromossomos X e Y, combinada à fecundação in vitro (FIV), tem se mostrado uma ferramenta promissora. Essa associação permite direcionar a produção de fêmeas de reposição ou machos para o abate, trazendo ganhos econômicos importantes. Apesar dos avanços, ainda existem desafios, como a menor viabilidade do sêmen após a separação e a necessidade de melhorar as taxas de concepção in vitro. **OBJETIVO:** Analisar os avanços recentes nas técnicas de sexagem do sêmen e sua utilização em conjunto com a FIV, avaliando seus impactos no melhoramento genético e no desempenho zootécnico dos animais. **METODOLOGIA:** Foi realizada uma revisão de literatura nas bases PubMed, SciELO e Scopus, utilizando os termos "bovinos", "fertilização in vitro", "ganho genético", "seleção espermática" e "viabilidade espermática". Foram considerados artigos publicados entre 2019 e 2024, incluindo estudos originais e revisões que abordassem inovações, eficiência, limitações e perspectivas futuras dessas biotecnologias. **RESULTADOS:** A citometria de fluxo continua sendo o método mais preciso para a separação de espermatozoides, atingindo índices de pureza acima de 90%. Também foram observados avanços nos protocolos de criopreservação, que reduziram danos celulares e melhoraram as taxas de fertilização in vitro. O uso de sêmen sexado na FIV apresentou resultados próximos aos do sêmen convencional, especialmente com a melhoria dos meios de cultura, possibilitando a produção de blastocistos de forma mais eficiente. A integração dessas técnicas contribuiu diretamente para acelerar o progresso genético, permitindo a obtenção de embriões do sexo desejado com qualidade comprovada. **CONCLUSÕES:** A combinação da sexagem espermática com a FIV representa um recurso estratégico para o desenvolvimento da pecuária moderna. O aperfeiçoamento constante dessas biotecnologias é essencial para torná-las mais acessíveis e eficientes. Quando aplicadas de forma planejada, contribuem para o melhoramento genético do rebanho e para a produção de animais de alto valor, em sintonia com as exigências de produtividade, qualidade e sustentabilidade do setor.

Palavras-chave: Blastocisto. Citometria de fluxo. Criopreservação. Eficiência reprodutiva. Pecuária de precisão.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

.

BIOQUÍMICA

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

Jatropha curcas: UMA REVISÃO INTEGRATIVA DO POTENCIAL TERAPÊUTICO NO CÂNCER MAMA E OSTEOSSARCOMA

Maira Freitas Matos Costa[1]*; José Rhaldney Lima de Queiroz[1]; João Vitor Xavier da Silva Silva[1]; Francisco Leandro Medeiros de Lucena Jales[1]

[1]Departamento de Bioquímica, Universidade Federal de Pernambuco, Recife, Pernambuco;
*Autor correspondente: maira.freitas@ufpe.br

AT14: Bioquímica

INTRODUÇÃO: O câncer resulta de uma mutação nas proteínas reguladoras do ciclo celular, levando a uma divisão descontrolada e a formação de tumores. Pesquisas mais recentes na área oncológica visam o desenvolvimento de fármacos com maior eficácia antitumoral e menos efeitos colaterais em comparação aos tratamentos convencionais. Nesse contexto, os compostos derivados de plantas surgem como uma alternativa promissora, por serem menos nocivos que os compostos sintéticos utilizados na quimioterapia. Dessa forma, a *Jatropha curcas* ou "pinhão-manso" apresenta potencial farmacológico significativo para o tratamento por conter diversos compostos ativos, como alcaloides, flavonoides e Proteínas Inativadoras do Ribossomo tipo I (RIPs), que exibiram atividades antitumorais, modulando a proliferação das células cancerígenas, especialmente nos cânceres de mama e osteossarcoma. **OBJETIVO:** Este trabalho tem como objetivo descrever o potencial da *Jatropha curcas* como fonte de novas biomoléculas ativas para desenvolvimento de fármacos para o tratamento do câncer. **METODOLOGIA:** A pesquisa foi feita na plataforma ScienceDirect com os descritores "*Jatropha*", "*Treatment*", "*Tumor*" e "*Cancer*", combinados pelos operadores booleanos "AND" e "OR", sendo "OR" utilizado em "*Tumor* OR *Cancer*" e "AND" nos demais descritores. Como critérios de inclusão, foram aplicados "Artigos publicados entre 2019-2025, na língua inglesa e Trabalhos Científicos Experimentais" e como critério de exclusão, "Trabalhos de Revisão e publicados antes de 2019", sendo encontrados 105. Foi feita a leitura e análise dos artigos, sendo selecionados 3 artigos para compor a atual revisão. **RESULTADOS:** O câncer de mama é a neoplasia maligna mais prevalente atualmente, já o osteosarcoma continua sendo o tumor ósseo primário de maior incidência. Estudos *In vitro* demonstraram que o extrato da *Jatropha curcas* apresenta atividade antitumoral em células de osteossarcoma U2OS através da ação da curcina C, que inibe a via ERK e ativa a via JNK, induzindo apoptose, autofagia e parada do ciclo celular nas fases S e G2 das U2OS, reduzindo a proliferação celular. Em análises de Docking Molecular, os compostos diterpenos Caniojane, Espirocurcasona e Jatrophone B mostraram potencial como inibidores dos receptores de estrogênio e progesterona, alvos farmacológicos relevantes no tratamento do câncer de mama. Além disso, há relatos do uso dos diterpenos em diversos outros tipos de câncer, reforçando o papel da *Jatropha curcas* como fonte promissora de compostos bioativos com propriedades antitumorais. **Conclusão:** Apesar do potencial farmacológico da planta, ainda são necessários estudos adicionais, especialmente em modelos *in vivo*, para elucidar os mecanismos de ação e validar clinicamente o uso dos compostos ativos da planta.

Palavras-chave: Compostos bioativos de plantas. Curcina C. Diterpenos. Neoplasia maligna.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

ENGENHARIA GENÉTICA

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

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

UTILIZAÇÃO DO SISTEMA CRISPR/CAS9 PARA OBTENÇÃO DE TOMATEIRO EDITADO PARA RESISTÊNCIA À PATÓGENOS DO GÊNERO *Xanthomonas*

Nátaly Duarte Lopes da Costa[1*], Lucas José de Souza[2], Adriane Wendland[3] e Angela Mehta[4]

[1]Estudante de Doutorado Universidade Federal de Goiás; [2]Bolsista FAPD Posdoc, Embrapa Recursos Genéticos, Brasília – DF; [3]Pesquisadora, Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás – GO; [4] Pesquisadora, Embrapa Recursos Genéticos, Brasília – DF
*Autor correspondente: natalydolopes96@gmail.com

AT15: Engenharia genética

INTRODUÇÃO: O tomate está presente na mesa da população mundial, sendo necessária a produção durante todo o ano. A produtividade do fruto sofre importantes perdas devido a doenças como a mancha bacteriana do tomateiro, causada por espécies do gênero *Xanthomonas,* patógeno de difícil controle no campo. Pensando neste fator, é necessária a busca por tecnologias que impeçam o avanço da doença pelas áreas de cultivo. A invertases (cw-Invs), dentre elas a codificada pelo gene LIN6, são responsáveis por catalisar a hidrolise irreversível de sacarose em frutose e glicose. A ação das cw-Invs podem ainda contribuir na infecção de patógenos. **OBJETIVO:** Obtenção de plantas editadas via CRISPR/Cas9 através do knockout do gene LIN6, apresentando resistência à patógenos do gênero *Xanthomonas*. **METODOLOGIA:** Plantas de tomateiro foram transformadas geneticamente via *Agrobacterium tumefaciens*, a fim de inserir a maquinaria CRISPR/Cas9 visando o gene LIN6. Uma planta, positiva para a presença da Cas9 e editada na região alvo, foi cultivada em casa de vegetação para obtenção de progênie T1. **Resultados parciais:** Foram obtidas 163 sementes do evento, as plantas foram testadas para a presença da Cas9, onde foi vista uma proporção de 3:1, atendendo a proporção mendeliana, e ainda submetidas à sequenciamento, onde foi possível observar diferentes edições na região alvo e a presença de três plantas homozigóticas. **CONCLUSÕES:** A obtenção de plantas T1 editadas é um passo na busca por plantas de tomateiro resistentes a patógenos do gênero *Xanthomonas*, as quais serão utilizadas para obtenção de progênie T2, análise dos frutos e testes com o patógeno.

Palavras-chave: Biotecnologia. Edição gênica. Mancha bacteriana. Tomate.

Agradecimentos e financiamento: Capes, CNPq, FAPDF, INCTIPP e FAPED.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

NANOTECNOLOGIA

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

EFEITOS DE COMPOSTOS NANOPARTICULADOS NO TECIDO SANGUÍNEO DE PEIXES DE ÁGUA DOCE: UMA REVISÃO SISTEMÁTICA DE ESTUDOS ECOTOXICOLÓGICOS

Lucas Camilo Moraes Alves[1*]

[1]Universidade Federal de Goiás
*Autor correspondente: lucascamilo2000@gmail.com

AT16: Nanotecnologia

INTRODUÇÃO: Com o avanço da nanotecnologia e o uso crescente de nanopartículas nos setores industrial, médico e agrícola, aumentam também as preocupações quanto ao destino dessas partículas em ambientes aquáticos e seus possíveis impactos sobre os componentes bióticos e abióticos dos ecossistemas. Nesse contexto, peixes têm sido amplamente utilizados como biomonitores em estudos ecotoxicológicos, sendo o tecido sanguíneo um biomarcador relevante para a identificação de alterações fisiológicas e citotóxicas induzidas por nanopartículas. **OBJETIVO:** Reunir e analisar evidências científicas sobre os efeitos tóxicos de nanopartículas (NPs) no tecido sanguíneo de peixes de água doce, com base em estudos publicados entre 2010 e 2024, além de descrever os principais impactos observados. **METODOLOGIA:** A presente revisão seguiu o protocolo PRISMA. As buscas foram realizadas nas bases de dados PubMed, Scopus, Web of Science e ScienceDirect, utilizando os descritores: "*nanoparticles*", "*fish blood*", "*hematotoxicity*", "*nanotoxicology*" e "*ecotoxicology*", combinados por meio de operadores booleanos (AND e OR). Os critérios de inclusão adotados foram: artigos originais, publicados em inglês, entre 2015 e 2024. Foram excluídos estudos com foco exclusivo em tecidos não hematológicos ou conduzidos apenas com modelos in vitro. Após as etapas de triagem e avaliação de elegibilidade, 39 estudos foram selecionados para análise final. **RESULTADOS:** Dos estudos selecionados, 33% utilizaram nanopartículas de prata (Ag NPs), 25% de óxido de zinco (ZnO NPs), 18% de dióxido de titânio (TiO_2 NPs), 10% de óxido de ferro (Fe_3O_4 NPs) e os 14% restantes empregaram outros nanomateriais, como óxido de cobre (CuO NPs), grafeno e nanoplásticos. Os principais efeitos relatados incluíram: alterações morfológicas em eritrócitos (82%), redução na contagem de hemácias (71%), leucocitose (66%), aumento na produção de espécies reativas de oxigênio e estresse oxidativo (61%) e indícios de anemia hemolítica (43%). A gravidade desses efeitos variou conforme a concentração, o tempo de exposição e a espécie testada, sendo as mais frequentemente utilizadas *Oreochromis niloticus*, *Poecilia reticulata*, *Danio rerio* e *Cyprinus carpio*. **CONCLUSÕES:** As nanopartículas podem induzir alterações hematológicas, com potenciais implicações para a saúde dos ecossistemas aquáticos. A padronização dos métodos experimentais, bem como a ampliação de estudos conduzidos em condições ambientais reais, são fundamentais para uma compreensão mais precisa dos riscos associados ao uso indiscriminado de nanomateriais.

Palavras-chave: Peixes de água doce. Sangue. Nanopartículas. Ecotoxicologia. Hematotoxicidade.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

NANOMATERIAIS E SEUS EFEITOS NO ZEBRAFISH (*Danio rerio*): UMA REVISÃO INTEGRATIVA DE IMPACTOS HEPÁTICOS

Lucas Camilo Moraes Alves[1*]

[1]Universidade Federal de Goiás
*Autor correspondente: lucascamilo2000@gmail.com

AT16: Nanotecnologia

INTRODUÇÃO: O zebrafish (*Danio rerio*) consolidou-se como um dos principais organismos modelos em ecotoxicologia aquática, devido à sua ampla distribuição, facilidade de manutenção em laboratório e similaridade fisiológica com outros vertebrados, sendo amplamente empregado em estudos sobre a toxicidade de nanomateriais. **OBJETIVO:** Considerando a importância do fígado como órgão central no metabolismo e detoxificação, esta revisão buscou compilar evidências científicas publicadas entre 2018 e 2024 acerca dos efeitos de nanopartículas no tecido hepático de zebrafish. **METODOLOGIA:** O levantamento integrativo foi realizado nas bases PubMed e Web of Science, seguindo as diretrizes PRISMA, utilizando os descritores "*zebrafish*", "*nanoparticles*", "*liver toxicity*" e "*nanotoxicology*", restringindo-se a artigos originais publicados em inglês com associação de algarismos *booleanos*. Foram excluídos estudos focados em outros tecidos ou conduzidos apenas em linhagens celulares, resultando na seleção de 28 artigos para análise final. **RESULTADOS:** Entre os nanomateriais mais investigados destacaram-se dióxido de titânio (TiO_2 NPs, 32%), óxido de zinco (ZnO NPs, 25%), nanopartículas de prata (Ag NPs, 21%), óxido de ferro (Fe_2O_3 NPs, 11%) e outros compostos como nanoplásticos e óxido de cobre (11%). Os principais efeitos observados no fígado de zebrafish incluíram degeneração hepatocelular e vacuolização (74%), acúmulo lipídico associado à esteatose (59%), alterações na atividade de enzimas antioxidantes como SOD, CAT e GPx (52%), danos ao DNA hepático (43%) e modulação da expressão de genes ligados à apoptose e inflamação (36%). A intensidade e a natureza dos efeitos variaram de acordo com a concentração e o tempo de exposição, sendo as exposições prolongadas (≥ 21 dias) as que resultaram em maior gravidade dos danos. Evidências indicaram ainda que nanopartículas metálicas, como Ag NPs e ZnO NPs, apresentaram maior potencial citotóxico em comparação às de base polimérica. **CONCLUSÕES:** Em conclusão, os achados reforçam que o zebrafish é um modelo robusto e sensível para a avaliação dos impactos hepatotóxicos de nanomateriais, permitindo identificar respostas morfológicas, bioquímicas e genéticas consistentes. Contudo, a heterogeneidade metodológica entre os estudos e a ausência de experimentos em cenários ambientalmente realistas limitam a extrapolação dos resultados para ecossistemas naturais, ressaltando a necessidade de abordagens integradas que considerem concentrações ambientalmente relevantes e efeitos de longo prazo.

Palavras-chave: Ecotoxicologia. Hepatotoxicidade. Nanomateriais. Nanotoxicologia. Zebrafish.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

USO DE NANOCARREADORES BASEADOS EM MEMBRANAS DE BACTÉRIAS PARA A ENTREGA DE FÁRMACOS ANTITUMORAIS: UMA REVISÃO SISTEMÁTICA

Maira Freitas Matos Costa[1*]; José Rhaldney de Lima Queiroz[1]; Maria Laura Soares de Oliveira[1]; Laura Karoline Gonçalves Nunes[1]; Barbara Maria Gouveia Gonçalves[1]; Maria Gabriela Matias da Silva Brito[1]; Raquel Nascimento da Silva[1]; Vanessa Caroline Afonso do Nascimento[1]; Anderson Lucas Alves da Silva[1]; Francisco Leandro Medeiros de Lucena Jales[1].

[1]Universidade Federal de Pernambuco
*Autor correspondente: maira.freitas@ufpe.br

AT16: Nanotecnologia

INTRODUÇÃO: As nanovesículas da membrana das bactérias (MVs) são nanoestruturas de 20-400nm liberadas por bactérias Gram-Negativas, sendo dotadas de padrões moleculares associados a patógeno (PAMPs), que auxiliam em uma ativação imunológica. Nesse contexto, as nanovacinas baseadas em vesículas da membrana de bactérias podem ser usadas para a entrega de fármacos que, juntamente com a sua imunogenicidade, amplificam a resposta antitumoral, agindo como uma imunoterapia eficaz no tratamento do câncer. **OBJETIVO:** Este trabalho tem como objetivo descrever o potencial das MVs para a entrega de fármacos no tratamento do câncer. **METODOLOGIA:** Foi pesquisado em 3 plataformas: Pubmed utilizando os descritores "nanocarriers AND bacterial membrane AND (cancer or tumor)", obtendo inicialmente n=52; Scielo, obtendo n=0; e ScienceDirect, aplicando os descritores "nanocarriers AND bacterial membrane AND (cancer or tumor) AND antineoplastics", foi obtido n=652. Foram aplicados os critérios inclusão "Artigos Experimentais publicados nos últimos 5 anos" e de exclusão "Artigos de Revisão". Os artigos foram analisados utilizando a plataforma Rayyan, empregando o protocolo PRISMA. Ao final, foram selecionados 5 artigos para compor a atual revisão. **RESULTADOS:** Em um modelo utilizando camundongos BALB/c portadores de tumor 4T1 (carcinoma mamário murino), as nanovesículas de Magnetospirillum gryphiswaldense MSR-1 (BMVs) carreando doxorrubicina (DOX) a 0,5 μg mL-1, administradas por via intravenosa, apresentaram a capacidade de entregar o medicamento direto no tecido-alvo, minimizando os efeitos colaterais nos demais tecidos. Além dos mecanismos convencionais, as BMVs acumulam ferro em seu interior, formando o quelato de DOX-Fe, que induziu a ferropotose em um modelo de câncer de mama resistentes à medicamentos. Ademais, foi proposto o uso das vesículas de Klebsiella pneumoniae atenuada transportando a DOX no modelo de câncer de pulmão. No estudo in vivo utilizando camundongos BALB/c portadores de tumor A549 (adenocarcinoma das células epiteliais alveolares), as MVs entregaram o fármaco na concentração de 20 μg/mL diretamente no citosol da célula, inibindo o crescimento do tumor e ativando os mecanismos de apoptose e necrose tumoral. Em conjunto com os efeitos da DOX, a imunogenicidade das MVs recrutou macrofagos para o microambiente tumoral, desencadeando uma resposta adaptativa ao câncer e potencializaram os efeitos antitumorais da DOX. **CONCLUSÕES:** Apesar da eficácia das nanovacinas em modelos in vivo e in vitro, ainda se faz necessário mais pesquisas para elucidar os mecanismos de ação das MVs e, posteriormente, estudos clínicos com humanos, a fim de que essa estratégia possa ser implementada no tratamento das neoplasias.

Palavras-chave: Antineoplásicos. Imunogenicidade Vacinal. Neoplasia Maligna.

Wissen Editora, 2026 | ISBN: 9786585923910 | DOI: 10.52832/wed.194

III CONACIGEN

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

ANAIS DO III CONGRESSO NACIONAL DE CITOGENÉTICA E GENÉTICA MOLECULAR ON-LINE (III CONACIGEN)

Organizadores
Luanna Alves Miranda
Denise dos Santos Vila Verde
Isaquiel de Moura Ribeiro Azevedo

Wissen Editora
Home page: www.editorawissen.com.br
E-mail: mailto: wisseneditora@gmail.com
Instagram: @wisseneditora

Wissen editora
Teresina - PI
2026