



# CONBRAGEN

I Congresso Brasileiro On-line  
de Atualização em Genética

# ANAIS DO

# EVENTO

2022



ISBN: 978-65-88884-14-0



A editora IME é a editora vinculada ao **I Congresso Brasileiro On-line de Atualização em Genética (I CONBRAGEN)** atuando na publicação dos anais do respectivo evento.

A editora IME tem como objetivo difundir de forma democrática o conhecimento científico, portanto, promovemos a publicação de artigos científicos, anais de congressos, simpósios e encontros de pesquisa, livros e capítulos de livros, em diversas áreas do conhecimento.

Os anais do **I CONBRAGEN** estão publicados no site do evento com código ISBN.

## APRESENTAÇÃO

O **I Congresso Brasileiro On-line de Atualização em Genética** ocorreu entre os dias **14 a 17 de fevereiro de 2022**, considerado como um evento de caráter técnico-científico destinado a acadêmicos e profissionais com interesse na área de genética.

Com objetivo central de difundir o conhecimento e estimular o pensamento científico, discutiu-se os temas atuais sobre genética compartilhou-se trajetórias e experiências de profissionais e pesquisadores atuantes na área, que contribuíram para a atualização e o aprimoramento de acadêmicos e profissionais. O I CONBRAGEN também contou com um espaço para apresentação de trabalhos científicos e publicações de resumos nos anais do evento.

## PROGRAMAÇÃO

### **Dia 14 de fevereiro de 2022**

#### **Palestras:**

- Abertura do evento
- Epigenética: Marcando seus hábitos no genoma
- A Genética e a Era da Genômica Nutricional
- Perspectivas para a genética forense brasileira à luz das tecnologias atuais
- Tecnologia CRISPR/Cas9: Estratégias, aplicações na pesquisa biomédica e em terapias para doenças humanas

### **Dia 15 de fevereiro de 2022**

#### **Palestras:**

- Homeostase em plantas: um olhar para a via central de sinalização do ácido abscísico
- Biologia Molecular: Um universo de possibilidades
- Importância dos estudos em citogenética de peixes

### **Dia 16 de fevereiro de 2022**

#### **Palestras:**

- Terapia gênica: o futuro é agora
- A interseção Neurociência e Genética
- Genética do câncer: Hereditariedade e câncer
- Sequenciamento genético de nova geração

### **Dia 17 de fevereiro de 2022**

#### **Palestras:**

- Mas afinal, o que é a bioinformática?
- Abordagens moleculares para identificação de espécies de bactérias
- Utilização da genômica para identificação de procariotos
- Importância das vacinas para combater pandemias
- Encerramento do evento

## **ANÁLISE DA FREQUÊNCIA DE ABERRAÇÕES CROMOSSÔMICAS EM ESTUDANTES USUÁRIOS DE BEBIDAS ENERGÉTICAS.**

SILVA, Francisco Cesar De Sousa; ANTONUCCI, Gilmara Ausech

### **RESUMO**

**Introdução:** Segundo a literatura, as bebidas energéticas quando não controladas apresentam riscos à saúde por causa do alto teor de cafeína e seus demais componentes, esses riscos podem variar de acordo com a quantidade consumida da bebida somado ao estilo de vida dos usuários. **Objetivos:** O objetivo do presente trabalho foi investigar a influência do hábito de consumo de bebidas energéticas sobre a frequência de aberrações cromossômicas, quando comparado a indivíduos voluntários que não ingerem essa bebida (amostra controle). **Material e métodos:** Como estratégias metodológicas foram utilizadas amostras de sangue periférico de 10 jovens estudantes usuários de bebidas energéticas na faixa etária entre 19 e 25 anos. Como grupo controle do estudo foram utilizadas amostras de sangue de 10 jovens com idade entre 19 e 25 anos que não ingerem bebidas energéticas. O parâmetro de análise para estas células em cultura foi a frequência de aberrações cromossômicas, a estatística foi realizada usando o programa R. **Resultados:** Este trabalho relata e comprova a hipótese levantada, uma vez que houve um aumento considerável de danos cromossômicos em voluntários que ingerem bebidas energéticas (quebras cromatídicas  $P=0.0003$ , dupla quebra cromatídica  $P=0.009$ ). Pode-se notar também uma tendência maior de quem usa bebida energética a usar outros tipos de drogas, como álcool, tabaco e até mesmo drogas ilícitas. **Conclusão:** Assim, para as condições experimentais testadas podemos inferir que as bebidas energéticas foram indutoras de danos cromossômicos e que sua ingestão em demasia poderia levar ao acúmulo deste tipo de danos podendo favorecer o surgimento de doenças como câncer.

**Palavras-chave:** Aberrações Cromossômicas, Bebidas Energéticas, Câncer.

## **INTERAÇÕES ENTRE OS GENES PTEN, TP53, RB1 E A FUSÃO TMPRSS2-ERG NA PROGRESSÃO DO CÂNCER DE PRÓSTATA**

SILVA, Francisco Cesar De Sousa E; MELO, Camila Morais; SQUIRE, Jeremy Andrew

### **RESUMO**

**Introdução:** O câncer da próstata é uma causa significativa de morbidade e mortalidade de câncer nos homens. Descobertas recentes sugerem que as mutações somáticas em PTEN, TP53 e RB1 ou a ativação específica de vias regulamentares, tais como o ETS, podem facilitar a evasão imunológica da resposta do hospedeiro contra o câncer. **Objetivo:** Investigar mutações gênicas presentes no câncer de próstata e associá-las ao microambiente tumoral e à progressão do câncer. **Materiais e métodos:** Analisamos dados RNAseq de 494 adenocarcinoma do conjunto de dados do TCGA e estimamos a abundância de células imunitárias em cada tumor com o algoritmo CIBERSORT, utilizamos o programa estatístico R. **Resultados:** Os tumores de pacientes com perda de PTEN (deleção homozigotos e hemizigotos) comparados com tumores de PTEN intactos mostraram uma alta densidade de macrófagos M0 e M1 e células dendríticas em repouso e baixa densidade de células NK em repouso, plasmócito e mastócitos. Pacientes com PTEN intacto e a presença de fusão TMPRSS2-ERG possui uma alta densidade de células T CD8, células em repouso de T CD4 memória, células dendríticas em repouso, e uma densidade mais baixa de células B de memória e macrófagos M2. Em doentes com perda de PTEN e a presença da fusão TMPRSS2-ERG, observamos uma alta densidade de células plasmática, macrófagos M1 e células dendrítica em repouso, e uma densidade mais baixa de monócitos e macrófagos M2. Contudo, pacientes com perda de expressão de PTEN e mutação TP53 concomitante não tiveram alterações estatisticamente significativas no número de células imunitárias presentes no microambiente tumoral. Do mesmo modo, a perda de PTEN e mutações em RB1 não teve diferenças no microambiente tumoral de paciente relacionadas com o infiltrado inflamatório. **Conclusão:** Os nossos resultados sugerem que a perda de PTEN e a presença da fusão TMPRSS2-ERG podem cooperar no câncer da próstata para levar a alterações no microambiente. Futuros estudos imuno-histoquímica serão realizados para avaliar os números e tipos de células imunitárias infiltrantes em tumores da próstata que tenha deficiência no PTEN e presença da fusão, o ensaio de imuno-histoquímica será utilizado para validar os dados obtidos in silico utilizando tumores de pacientes.

**Palavras-chave:** Microambiente Tumoral, Evasão Imunitária, Software De Abundância De Células Imunitárias, Prostate Cancer.

## **A IMPORTÂNCIA DA DUPLICAÇÃO NA EVOLUÇÃO BIOLÓGICA: UMA REVISÃO**

ALVES, Richard Tarcísio De Lima; VASCONCELOS, Natalia Ravenna Dantas;  
OLIVEIRA, Raiane Azevedo De; ARAÚJO, Zayne Medeiros De

### **RESUMO**

**Introdução:** As duplicações cromossômicas constituem um tipo de rearranjo cromossômico, em que um segmento do cromossomo é duplicado. Surgindo por consequência de rupturas das fitas duplas nas moléculas de DNA existentes no cromossomo, mas também podem surgir por erros no crossing over. Estas duplicações possuem impactos positivos na evolução biológica das espécies. **Objetivos:** realizar uma revisão narrativa de literatura a partir de estudos científicos disponibilizados na plataforma digital educacional Google Acadêmico. **Material e métodos:** para realizar a pesquisa dos artigos forma usadas as seguinte palavras-chave: “duplicação”, “rearranjo” e “cromossômico”. Interligados pelo operador booleano “AND”. **Resultados:** A duplicação ocorre quando um segmento do cromossomo é duplicado. Considere a seguinte sequência: ABC▪ EFC em que ▪ representa o centrômero. Uma duplicação que inclua o segmento AB, originará o seguinte cromossomo: ABABC▪ EFG. Este tipo de duplicação é chamada de duplicação em tandem, mas também existem duplicações deslocadas, quando se situam em regiões diferentes no cromossomo, ou reversas, quando os segmentos são duplicados em ordem contrária ao original. Para indivíduos heterozigotos surgem problemas no pareamento de cromossomos na Prófase I da Meiose, formando-se uma alça, típica da duplicação em heterozigotos. Apesar disso, as sequências dos genes não são alteradas, e não há perda de informação genotípica, a única alteração é a existência de cópias adicionais de uma sequência, mas podem existir problemas relacionados a dosagem gênica não balanceada. O próprio genoma humano possui sequências duplicadas, chamadas de duplicações segmentares, que podem ser intercromossômicas ou intracromossômicas, tendo em vista que para que muitos genes exerçam sua função, geralmente existem em pares. Essas duplicações cromossômicas fornecem uma maneira na qual novos genes evoluem. Em muitas ocasiões, essas cópias existentes de um gene estão livres para variar. A cópia original fornece o produto gênico essencial, enquanto a cópia extra pode sofrer alterações e mutações. **Conclusão:** Além da seleção natural, as duplicações de segmentos em um cromossomo também constitui um meio pelo qual as espécies evoluem biologicamente.

**Palavras-chave:** Duplicação, Evolução, Genética.

## A METILAÇÃO DO DNA E SEUS EFEITOS EPIGENÉTICOS

ALVES, Richard Tarcísio De Lima; ALVES, Richard Tarcísio De Lima

### RESUMO

**Introdução:** A metilação do DNA se refere ao acréscimo de grupos metila as bases nucleotídicas, como a metilação da citosina, que produz 5-metilcitosina. As células usam a metilação e a desmetilação para reprimirem e ativarem genes. As enzimas multitransferases metilam o DNA, e as desmetilases removem os grupos metila.

**Objetivos:** Realizar uma revisão bibliográfica sobre a metilação do DNA e seus efeitos epigenéticos.

**Material e métodos:** Para a realização da pesquisa, utilizou-se a plataforma Google Acadêmico obtendo artigos científicos com os seguintes critérios de inclusão: artigos, dissertações ou teses, escritas no idioma português, a partir dos anos 2000.

**Resultados:** Usando abelhas, pôde-se observar os resultados da metilação do DNA. Existem abelhas que recebem o alimento comum, enquanto outras recebem a geleia real, essa mudança na dieta afeta a expressão gênica. A geleia real está relacionada ao silenciamento de um gene chave, chamado Dnmt3, cujo produto adiciona metil ao DNA. Efeitos epigenéticos também foram observados em ratos. Descendentes de fêmeas que apresentam comportamento mais evidente de cuidado apresentam menor medo quando adultos, e demonstram respostas hormonais reduzidas ao estresse se comparados aos descendentes de fêmeas que demonstram menor cuidado. Estes indivíduos possuem um padrão diferente de metilação, afetam a acetilação das histonas alterando a expressão do receptor de glicocorticoide. Sabe-se que abusos na infância aumentam a probabilidade do desenvolvimento da ansiedade e da depressão, devido ao aumento do grau de metilação do receptor de glicocorticoide, hormônio envolvido com estresse. A metilação também está envolvida com a repressão da transcrição. O grupo metila da 5-metilcitosina esta localizado em região do DNA chamada Sulco principal, local que é reconhecido por muitas proteínas ligadoras de DNA, impedindo a ligação. Além disso, há também a atração de proteínas que inibem diretamente a transcrição.

**Conclusão:** Pode-se incluir vários efeitos epigenéticos da metilação. O epigenoma é relativamente uma novidade para genética, e a epigenética ainda tem muito o que descobrir.

**Palavras-chave:** Dna, Repressão, Epigenoma, Ansiedade, Depressão.

## **O PAPEL DO ESTRESSE OXIDATIVO NO DESENVOLVIMENTO E PROGRESSÃO DO CÂNCER**

SILVA, Diogo Leonardo Santos; ALVES, Richard Tarcísio De Lima; LAURENTINO, Elizângela Soares Da Silva; SILVA, Joana Larissa Vicente Da; ROQUE, Janaina Cardoso

### **RESUMO**

**INTRODUÇÃO:** O estresse oxidativo (EO) é resultante do desequilíbrio entre a produção e a eliminação promovida por substâncias com propriedades antioxidantes das espécies reativas de oxigênio. Tal distúrbio fisiológico provoca danos em nível de macromoléculas celulares. O EO está associado com o desenvolvimento de diversas doenças crônicas, como por exemplo, doenças cardiovasculares, diabetes, patologias neurológicas, bem como o câncer (CA), sendo esta última definida como resultado de sucessivas divisões celulares desordenadas, devido à perda do controle do ciclo celular. **OBJETIVO:** Identificar o papel do EO no desenvolvimento e progressão do CA. **METODOLOGIA:** A fim de atender ao objetivo proposto, foi realizado um estudo de caráter narrativo e qualitativo, utilizando como material fonte artigos científicos disponíveis na plataforma Google Acadêmico. Na plataforma, foram utilizados os seguintes termos na busca: “estresse oxidativo”, “câncer” e “dano oxidativo ao DNA”. A estratégia de busca do material foi conduzida utilizando simultaneamente os termos supracitados, sendo conectados através do operador booleano “AND”. Foram selecionados cinco estudos para atender ao objetivo da pesquisa. Estes artigos foram publicados no período temporal entre 2005 a 2014. **RESULTADOS:** A partir do levantamento bibliográfico foi identificado que o EO, além de provocar danos ao DNA, também provoca mal funcionamento dos mecanismos celulares de reparo do DNA, principalmente, quando a quantidade de lesões excede a capacidade de reparo. Além disso, as espécies reativas de oxigênio podem atuar em processos essenciais para a progressão do CA por meio da regulação da transdução de sinais celulares, como evasão ao processo de apoptose, angiogênese, bem como metástase. Isto demonstra que o EO pode contribuir significativamente não apenas para o desenvolvimento, mas também para a manutenção do processo cancerígeno. **CONCLUSÃO:** O EO pode atuar desencadeando e promovendo a manutenção do processo cancerígeno. Nesta perspectiva, a prevenção e o combate ao EO podem desempenhar um papel fundamental de proteção contra o CA.

**Palavras-chave:** Câncer, Danos ao Dna, Estresse Oxidativo.

## **AS VANTAGENS DA IMUNOTERAPIA COMO TRATAMENTO PARA O CÂNCER**

SILVA, Diogo Leonardo Santos; ALVES, Richard Tarcísio De Lima; LAURENTINO, Elizângela Soares Da Silva; SILVA, Joana Larissa Vicente Da; ROQUE, Janaina Cardoso

### **RESUMO**

**INTRODUÇÃO:** O câncer é um conjunto de doenças em que ocorrem divisões mitóticas rápidas e descontroladas, caracterizando um grave problema de saúde pública no mundo. O sistema imunológico é capaz de reconhecer e desencadear a destruição de células cancerígenas por meio da resposta imunológica desencadeada por antígenos tumorais específicos ou antígenos associados ao tumor. Nesta perspectiva, surge a imunoterapia (IT), uma intervenção clínica capaz de estimular o sistema imunológico a identificar e reagir contra o câncer, como um potencial método de tratamento. **OBJETIVO:** Identificar as vantagens da IT como potencial método de tratamento para o câncer. **MÉTODO:** Trata-se de uma revisão narrativa da literatura, com caráter qualitativo, sendo realizada a partir de um levantamento bibliográfico a cerca da temática abordada, na plataforma Google Acadêmico. Para isto, foram utilizados simultaneamente os seguintes termos: “câncer”, “imunoterapia” e “tratamento”, sendo conectados através do operador booleano “AND”. Para responder ao objetivo proposto foram selecionados cinco artigos científicos, publicados entre o recorte temporal de 2012 a 2021. **RESULTADOS:** A partir do material bibliográfico selecionado identificou-se que, embora a IT seja um alternativa de tratamento que necessita de mais investigações científicas para elucidar alguns parâmetros ainda desconhecidos, sabe-se que esta apresenta eficácia significativa no tratamento de alguns tipos de cânceres, incluindo aqueles que não respondem ao tratamento convencional, bem como promove melhor qualidade de vida aos indivíduos oncológicos em comparação com a quimioterapia, a radioterapia e a intervenção cirúrgica. **CONCLUSÃO:** A IT pode ser considerada uma alternativa viável para o tratamento de algumas doenças malignas, propiciando vantagens significativas, sobretudo para a cura, em comparação aos métodos convencionais de tratamento.

**Palavras-chave:** Câncer, Imunoterapia, Tratamento.

## REVISÃO BIBLIOGRÁFICA SOBRE OS MECANISMOS DA EPIGENÉTICA

WOORD, Ana Carolina

### RESUMO

**Introdução:** Por muito tempo, acreditou-se que o genótipo de um indivíduo era o único fator responsável pela determinação de suas características morfológicas, fisiológicas e comportamentais. **Objetivos:** Compreender melhor como mudanças no meio podem influenciar na expressão de determinadas características, independentemente de o indivíduo apresentar, ou não, genes para tal. **Materiais e métodos:** O resumo foi elaborado com base em revisões bibliográficas de artigos que podem ser facilmente encontrados em sites de busca acadêmica, como o Google Scholar. **Resultados:** A epigenética é o campo da ciência responsável por estudar essas variações não-genéticas, que mesmo sem causar alterações nas sequências de nucleotídeos, podem causar alterações nas funções desempenhadas pelos genes, podendo ativá-los ou inibi-los por meio da metilação ou acetilação de regiões específicas. No núcleo, as moléculas de DNA são condensadas pelas proteínas histonas, não sendo possível que ocorra a expressão dos genes durante a fase de grande compactação. Para isso, é necessário que as partes do DNA a serem expressas estejam parcialmente descondensadas, levando a um constante remodelamento dos cromossomos. Mudanças no meio, causadas principalmente pelos hábitos de vida de cada indivíduo, como alimentação, prática de atividades físicas, higiene do sono, entre outras, desencadeiam sinais químicos no interior das células, responsáveis pela metilação e acetilação de genes. A metilação consiste na adição de um grupo metila à citosina, responsável pela inibição da expressão dos genes metilados, portanto, não codificando proteínas. Por sua vez, a acetilação consiste na adição de um grupamento acetila nas histonas, sendo responsável pela ativação gênica, já que proporciona a descompactação do material genético, possibilitando a expressão dos genes localizados naquela região. As chamadas HATs são as enzimas responsáveis por esse processo de acetilação. **Conclusão** As modificações epigenéticas caracterizam o epigenôma de um indivíduo que pode ser transmitido para as gerações seguintes. A geração que recebeu essa herança epigenética pode, por meio do ambiente onde vive e seus hábitos de vida, modificar seu epigenôma que, por sua vez, também será transmitido para a próxima geração e assim sucessivamente.

**Palavras-chave:** Epigenética, Epigenôma, Dna, Alterações Epigenéticas.

## **A UTILIZAÇÃO DO CRISPR/CAS9 NO TRATAMENTO DA DOENÇA DE HUNTINGTON: REVISÃO SISTEMÁTICA**

NETO, Eclésio Batista De Oliveira; CORDEIRO, Geovanna Cristina Gonçalves Da Silva

### **RESUMO**

**Introdução:** A doença de Huntington (DH) é uma patologia neurodegenerativa hereditária, autossômica, dominante e progressiva. Seus sintomas proeminentes são causados pela grande perda de neurônios nos núcleos da base. Esse dano neurológico atinge as capacidades cognitivas e motoras, levando à morte em torno de 15-20 anos após as primeiras manifestações da doença. A DH É causada por mutações que induzem repetições (>36) em tandem do códon CAG no gene da huntingtina (HTT). Essa patologia se torna um alvo interessante para terapias gênicas que utilizam o CRISPR/CAS9, devido ao fato de ser uma doença monogênica, teoricamente seria mais simples de ser tratada pela edição do material genético do paciente, incluindo o uso de endonucleases programáveis. **Objetivo:** Revisar a literatura em busca da possibilidade do uso do CRISPR/CAS9 no tratamento da DH. **Material e métodos:** Foi realizada uma revisão bibliográfica na base de dados BVS (Biblioteca Virtual em Saúde) e PUBMED com os descritores “CRISPR-Associated Protein 9” e “Huntington Disease”, com o operador AND. Os critérios de inclusão foram (1) textos completos condizentes com o tema e objetivos do trabalho; (2) em inglês, espanhol e português; (3) publicados nos últimos 5 anos. Sendo encontrados 3 estudos, estes se enquadravam nos critérios de seleção, logo foram mantidos e analisados. **Resultados:** Os artigos revisados destacam que a redução dos níveis do mRNA da proteína mutante da HTT, e o seu silenciamento através dos Oligonucleotídeos antisense e RNA interferente (RNAi) são as propostas terapêuticas mais promissoras atualmente. No entanto, a remoção do gene HTT é uma alternativa interessante e poderia ser uma solução definitiva para a HD. Os sistemas CRISPR contêm dois componentes: um RNA guia (gRNA ou sgRNA) e uma endonuclease associada a CRISPR (proteína Cas). Seria possível deletar o gene HTT, utilizando-se de dois complexos sgRNA/Cas9. A endonuclease Cas9 guiada pelo sgRNA específico, iria atuar removendo o gene defeituoso, encerrando a produção da huntingtina aberrante. **Conclusão:** Apesar das perspectivas promissoras, não se sabe os efeitos da falta do gene e proteína HTT em humanos. Além de existir poucos trabalhos dedicados a essa abordagem em pacientes com DH, são necessários mais estudos.

**Palavras-chave:** Crispr, Cas9, Doença de Huntington.

## **SÍNDROME DE HUTCHINSON-GILFORD: TRATAMENTO COM O LONAFARNIB**

NETO, Eclésio Batista De Oliveira; SANTOS, Esther Mendonça Dos; COSTA, Gabriela Leite Almeida; PINTO, Ianara Thayná Almeida

### **RESUMO**

**Introdução:** A Progeria ou Síndrome de Hutchinson-Gilford (HGPS) é descrita como uma doença genética rara caracterizada pelo envelhecimento prematuro. Aproximadamente 90% dos casos estão relacionados com uma mutação heterozigótica silenciosa no 11º éxon do gene LMNA em c.1824C>T (p.Gly608Gly), levando a ativação de uma zona de corte críptica durante o processo de splicing no RNA mensageiro, fazendo com que haja a deleção de 150 nucleotídeos. O RNA mensageiro acaba sendo traduzido em uma proteína aberrante chamada de Progerina, responsável pelo mal funcionamento estrutural da membrana nuclear das células, deixando o material genético mais exposto aos danos do meio. Essa condição torna os portadores susceptíveis a problemas em diversos sistemas, especialmente no cardiovascular e esquelético. Geralmente os portadores vivem em torno de 8 a 21 anos. Entretanto, inibidores de farnesilação como o lonafarnib estão em fase de teste, e prometem aumentar a expectativa de vida dos pacientes. **Objetivo:** Revisar a literatura em busca de informações acerca uso do Lonafarnib no tratamento da HGPS. **Material e métodos:** Foi realizada uma revisão bibliográfica na base de dados BVS (Biblioteca Virtual em Saúde) e PUBMED com a combinação dos seguintes descritores com o operador "AND": "Progeria", "Lonafarnib" e "Drug Therapy". Os critérios de inclusão foram (1) textos completos condizentes com o tema e objetivos do trabalho; (2) em inglês, espanhol e português; (3) publicados nos últimos 5 anos. A busca retornou 14 estudos, após a aplicação dos critérios de inclusão e exclusão, foram mantidos e analisados 6 artigos. **Resultados:** Os artigos revisados apontam que o lonafarnib é bem tolerado pelos pacientes. Além de trazer benefícios em relação ao ganho de peso, decréscimo da taxa de aterosclerose e infartos, ecodensidade da artéria carótida, rigidez esquelética e audição neurosensorial. Em dos artigos, houve uma queda da taxa de mortalidade em torno de 29,6% no grupo experimental. **Conclusão:** O lonafarnib está relacionado com o aumento da expectativa de vida, e controla alguns sintomas dos pacientes. No entanto, não é uma medicação definitiva, sendo limitada por agir apenas em um dos mecanismos patológicos. Logo, são necessários mais estudos o associando à outras drogas em busca do melhor tratamento.

**Palavras-chave:** Lonafarnib, Progeria, Síndrome de Hutchinson-gilford.

## **A INFLUÊNCIA GENÔMICA NO LUPUS ERITEMATOSO SISTÊMICO: UMA ABORDAGEM GENÉTICA**

CARVALHO, Lanna Do Carmo; SOUZA, Sonária Soares De Oliveira; LIMA, José Leandro De; ALVERNE, Maria Da Conceição Azevedo Frota Mont; MELO, Raphael Toledo De

### **RESUMO**

**Introdução:** O lúpus eritemato sistêmico (LES) é uma patologia autoimune, cursa com a síntese de auto-anticorpos e reação inflamatória. Não têm causa específica, mas a associação simultânea da genética e ambiente favorece a clínica. **Objetivos:** Abordar a influência genômica do LES. **Material e Métodos:** O trabalho é uma revisão bibliográfica fundamentada nas plataformas do SciELO, Medline e LILACS efetivada em janeiro de 2022. Ao total foram encontrados 30 artigos. Selecionando-se 12 por estarem nos idiomas português e inglês, atualizados e baseados em evidências. Descartando-se os demais que não tinham relevância ao tema. **Resultados:** A atuação em conjunto dos genes de suscetibilidade e fatores externos provocam reações imunes anormais variáveis. As reações imunes abordam a ativação da imunidade inata pelo DNA de CpG, DNA presente nos imunocomplexos, RNA viral e ao RNA próprio dos antígenos de RNA proteína. Amenização da purificação de imunocomplexos e células apoptóticas e síntese reduzida de citocinas favorece que as células T e natural killer do LES não fabriquem IL-2 e fator transformador de crescimento adequado para estimular e maturar as células reguladoras de defesa T CD8<sup>+</sup> e CD4<sup>+</sup>. Os antígenos presentes no LES como o DNA proteína nucleossômica, o RNA proteína em Sm, Ro e La e fosfolípidios se encarregam de reconhecer pela imunidade as vesículas das células apoptóticas. Logo, os antígenos e auto anticorpos e imunocomplexos duram mais e causam inflamação e a doença. O estímulo imune é simultâneo a maior liberação de interferons dos tipos 1 e 2, marco genético típico do LES no sangue periférico, fator de necrose tumoral, interleucina (IL)-17 e citocinas que causam maturação e sobrevivência da célula B, estimuladoras do linfócito do tipo B e IL-10. **Conclusão:** Pode se concluir que a interação entre suscetibilidade genética, o ambiente e as respostas imunes anormais têm forte influência no desenvolvimento da autoimunidade e ao LES.

**Palavras-chave:** Genética, Genoma, Lúpus Eritematoso Sistêmico.

## **BIOTECNOLOGIAS NA REPRODUÇÃO EQUINA: UMA REVISÃO**

COSTA, Mérida Layara Xavier; AQUINO, Aureluci Alves De; ROCHA, Vivianne Cambuí Figueiredo

### **RESUMO**

**Introdução:** Biotecnologia é o termo empregado para definir qualquer aplicação tecnológica que utilize organismos vivos, partes de organismos vivos ou sistemas biológicos com a intenção de produzir ou modificar processos e produtos para usos específicos. A biotecnologia agropecuária, em um de seus diversos campos de atuação, busca o aperfeiçoamento de técnicas para o melhoramento genético de animais, o qual é feito através da seleção e reprodução de animais com características genéticas de interesse buscando o aumento da produtividade, diminuição do intervalo entre as gerações e aumento da resistência a fatores ambientais. Alguns dos produtos gerados com o emprego das técnicas biotecnológicas são vacinas recombinantes para prevenção de doenças, hormônios de crescimento e testes genéticos de DNA na seleção de animais com genótipos superiores para melhoramento genético destes animais. A versatilidade desta espécie é o principal fator responsável pelo crescimento mundial da equideocultura, promovendo ganho na eficiência reprodutiva favorecendo o aprimoramento das raças e cruzamentos. **Objetivo:** O presente estudo apresenta uma revisão de literatura relacionada a biotecnologias utilizadas na reprodução equina. **Material e métodos:** Para execução desta pesquisa, as principais bases de consultas foram Google acadêmico e Scielo através da busca por artigos científicos relacionados ao tema abordado, com ênfase em artigos variando do ano 2000 ao 2021. **Resultados:** O uso da biotecnologia aplicada a reprodução animal vem aumentando devido a resistência à manipulação *ex situ* dos gametas e embriões, desde que esses sejam mantidos em ambientes adequados, tornando-os alvos em potencial para o desenvolvimento de processos biotecnológicos destinados a ultrapassar as limitações naturais reprodutivas das espécies, tais como inseminação artificial, fecundação *in vitro*, transferência de embriões, e outros. As biotécnicas que demonstram maior êxito na viabilidade econômica e facilidade na implantação em espécies domésticas são a inseminação artificial e a transferência de embriões. Na espécie equina a técnica da inseminação artificial, para as raças que permitem o uso, apresentam altos índices de fertilidade e traz como vantagem o menor desgaste do garanhão. **Conclusão:** As biotecnologias associadas à reprodução equina são de extrema importância pois auxiliam no aumento do ganho genético, proporcionando o melhor aproveitamento de matrizes geneticamente superiores.

**Palavras-chave:** Equideocultura, Inseminação Artificial, Melhoramento Genético.

## **BIOTECNOLOGIAS APLICADAS A INDÚSTRIA ALIMENTÍCIA COM O USO DE MICRORGANISMOS: UMA REVISÃO**

COSTA, Mérida Layara Xavier; AQUINO, Aureluci Alves De; ROCHA, Vivianne Cambuí Figueiredo

### **RESUMO**

**Introdução:** A aplicação da biotecnologia na indústria de alimentos se restringia à produção de pães, queijos, álcool, vinagre e iogurte. Mais recentemente, houve um aumento do interesse pelo uso dessa tecnologia na extração e produção de ingredientes não nutritivos, biologicamente ativos. Existem muitos progressos nas técnicas de produção de alimentos e bioingredientes por fermentação, por processos enzimáticos e por engenharia genética a partir de sistemas biológicos derivados do DNA recombinante (rDNA). **Objetivo:** O presente estudo tem como objetivo apresentar uma revisão de literatura abordando as biotecnologias empregadas na indústria de alimentos a partir do uso de microrganismos. **Material e métodos:** Para execução desta pesquisa, as principais bases de consultas foram Google acadêmico e Scielo através da busca por artigos científicos relacionados ao tema abordado, com ênfase em artigos variando do ano 2000 ao 2021. **Resultados:** A fermentação por microrganismos é a tecnologia de bioprocessamento mais antiga e também a mais conhecida. Os produtos da fermentação eram originalmente derivados de uma série de reações catalisadas pelas enzimas que eram utilizadas no metabolismo da glicose. As bactérias lácticas (BL), Gram-positivas e anaeróbias facultativas, são capazes de converter açúcar em ácido lático, estando associadas ao preparo de iogurtes, queijos, leites, pães, manteiga, vinhos, carnes, embutidos, pickles e silagem, além de exercer atividade probiótica. Além disso, há uma diversidade de enzimas microbianas úteis que podem trazer um futuro bastante promissor. No cultivo de plantas transgênicas, técnica que pode contribuir de forma significativa para o melhoramento genético de plantas, os microrganismos são utilizados na transformação genética destas plantas, inserindo genes de interesse agrônomo, visando o aumento da produção de alimentos, fibras e óleos, como também na fabricação de fármacos e outros produtos industriais. **Conclusão:** Os microrganismos têm sido amplamente úteis para a humanidade, mesmo quando era desconhecida sua existência, hoje representam uma tecnologia promissora em diversos ramos da biotecnologia.

**Palavras-chave:** Alimentos, Microrganismos, Tecnologia.

## SÍNDROME DE NOONAN 1

DIAMANTINO, Ivana Neres

### RESUMO

**INTRODUÇÃO:** A síndrome de Noonan (SN) é uma desordem do desenvolvimento e na grande maioria dos casos é de herança autossômica dominante, sendo caracterizada por diversas anomalias fenotípicas, especialmente por baixa estatura, cardiopatias congênitas e dismorfismos faciais. Possui uma incidência de 1:1000 a 1:2500 nascimentos, tendo uma prevalência similar entre os gêneros. A causa da SN é definida pelo gene que é encontrada a mutação, os mais comuns são o PTPN11 que é responsável por cerca de 50% dos casos, SOS1, KRAS, NRAS, SHOC2, CBL, e RAF1 que juntos, respondem por ~80% dos pacientes com síndrome de Noonan diagnosticados clinicamente. **OBJETIVO:** O objetivo do trabalho foi relatar o caso clínico de um paciente com deficiência intelectual que recebeu o diagnóstico genômico de Síndrome de Noonan 1 e apontar a importância do sequenciamento total do exoma para o diagnóstico. **MATERIAIS E MÉTODOS:** O paciente foi encaminhado para realização do cariótipo que não apresentou nenhuma alteração numérica ou estrutural, depois foi feita a análise cromossômica por microarray que também não mostrou variações no número de cópias patogênicas e assim ele foi conduzido para realização do sequenciamento total do exoma. **RESULTADOS:** Ao realizar o sequenciamento total de exoma foi encontrada uma variante patogênica heterozigótica de origem *de novo* do tipo *missense*, sendo uma mutação pontual de substituição de base (112915455T>C, Phe285Ser). Assim o diagnóstico genético foi estabelecido para o paciente. **CONCLUSÃO:** Com isso, é importante destacar o papel fundamental do sequenciamento total o exoma para o diagnóstico da SN 1, em casos que não havia o diagnóstico após a realização de testes indicados como primeira escolha, pois com ele foi possível de apresentar o diagnóstico para família, além de possibilitar um aconselhamento genético mais direcionado para a síndrome.

**Palavras-chave:** Deficiência Intelectual, Gene Ptpn11, Sequenciamento Total Do Exoma, Síndrome De Noonan.

## **APRIMORAMENTO ATRAVÉS DE INFORMÁTICA DA TÉCNICA DE BAUER-KIRBY NA DETERMINAÇÃO DE SENSIBILIDADE A ANTIMICROBIANOS**

OLIVEIRA, Leonardo Ferreira; RIBEIRO, Diego Rodrigues; SOUZA, Tamara Alves  
De; RESENDE, Meriane Gonçalves; MIRANDA, Thalita Mota

### **RESUMO**

**Introdução:** Os testes de suscetibilidade a antimicrobianos (TSA) apresentam grande relevância no diagnóstico laboratorial e na prática clínica, tendo como objetivo determinar a sensibilidade das bactérias quando submetidas à ação dos antimicrobianos. O teste de disco-difusão em ágar, descrito em 1966 por Bauer e Kirby, é a metodologia mais difundida e utilizada nos laboratórios de análises clínicas. Além disso, o de disco-difusão tem sido proposto por uma gama autores para verificar a atividade antimicrobiana de extratos vegetais. Contudo a metodologia de Bauer-Kirby necessita de medição de halos e determinada da sensibilidade dos antimicrobianos testados, conforme a medida dos halos. **Objetivo:** Desenvolver uma ferramenta para auxiliar na interpretação de halos de inibição de disco de antimicrobianos. **Material e métodos:** Utilizou-se código em HTML (Hypertext Markup Language) e JavaScript, tendo como arcabouço uma função se com 3 condições. Os antibióticos, halos de inibições e respectivas leituras de sensibilidade e/ou resistência formam a base de dados da ferramenta. **Resultados:** Desenvolveu-se um código em HTML/JavaScript, no qual o tamanho dos halos de inibição são lançados e o resultado sensível, intermediário ou resistente são definidos conforme padrões determinados pela Manual de Antibiograma 2019 da Laborclin e do *Clinical & Laboratory Standards Institute* (CLSI). Além disso, informações pertinentes quando ao uso de determinado antibiótico, tais como ressalvas sobre resistência intrínseca ou utilização em(ou não) e um sítio de infecção foram acrescentadas ao sistema. **Conclusão:** O código demonstrou-se promissor e muito atraente para laboratórios de pequeno porte, uma vez pode ser modificado e alimentado conforme os antimicrobianos testados por cada laboratório.

**Palavras-chave:** Bauer-kirby, Disco-difusão, Html, Tsa.

## **CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE ROTAVÍRUS A EM AMOSTRAS FECAIS DE CÃES DE GOIÂNIA, GOIÁS**

SALES, Marcelle Figueira Marques Da Silva; REIS, Amanda Silva; FILHO, Gladsthon Divino De Sousa; ARAÚJO, Maísa Souza; FRANCO, Fernanda Craveiro; SILVA-SALES, Marcelle

### **RESUMO**

**Introdução:** A gastroenterite aguda (GA) é caracterizada pela inflamação do trato gastrointestinal e tem como principal sintoma a diarreia, que pode ser acompanhada por febre, dores abdominais, vômito, entre outros. A GA pode ser causada por diversos patógenos e dentre os vírus, o Rotavírus A (RVA) é o principal causador de GA infantil, além de estar associado a infecções em diversas espécies animais. Estudos vem demonstrando que o RVA de origem animal é capaz de infectar humanos sendo constantemente detectados casos de crianças internadas com GA por RVA. **Objetivo:** Investigar a circulação de RVA em amostras fecais de cães obtido através do Hospital veterinário da Faculdade de Veterinária e Zootecnia da UFG e de clínicas veterinárias de Goiânia. **Metodologia:** As suspensões fecais foram preparadas a 10% em tampão salina fosfato e extraídas pela metodologia de fenol-clorofórmio. A triagem de amostras positivas foi realizada através de eletroforese em gel de poliacrilamida. **Resultados e discussão:** Das 84 amostras analisadas, 2 (2,38%) foram positivas para RVA. Apesar da baixa prevalência de RVA encontrada no presente estudo estar em concordância com outros estudos publicados no Brasil e no mundo, outros fatores podem estar envolvidos, tais como questões de sensibilidade da técnica utilizada para a triagem do RVA. **Conclusão:** Este é o primeiro estudo a identificar a presença do RVA em amostras de cães de Goiânia, Goiás o que reforça a necessidade da investigação e vigilância deste vírus em amostras de animais na cidade para evitar possíveis surtos de RVA em animais e em humanos.

**Palavras-chave:** Rotavírus A, Gastroenterite Aguda, Cães, Goiás.

## MUTAÇÃO GENÉTICA NA FIBROSE CÍSTICA

MENESES, Kaline Silva; SILVA, Thais Novais Da; NOVAES, Dayana Matos De;  
COSTA, Yasmim Xavier Arruda

### RESUMO

**Introdução:** A Fibrose Cística (FC) é uma doença de origem genética autossômica recessiva causada pela mutação do gene *cystic fibrosis transmembrane conductance regulator* (CFTR) que codifica a proteína de mesmo nome. Existe cerca de 2000 mutações que causam doenças no gene CFTR, a mais comum é a ausência do aminoácido 508 (F508del) da proteína CFTR que em populações caucasianas é encontrada em aproximadamente 70-80% dos alelos dos pacientes com FC. A ausência ou menor quantidade da CFTR no epitélio na FC provoca uma disfunção da reabsorção do cloro nas glândulas sudoríparas que pode afetar vários órgãos, principalmente os que secretam muco, como as vias respiratórias superiores e inferiores, a genitália masculina, o pâncreas, o sistema biliar, o intestino e as glândulas sudoríparas. **Objetivo:** Analisar a associação da identificação F508del na mutação do gene CFTR no diagnóstico da fibrose cística. **Material e métodos:** Trata-se de uma revisão integrativa da literatura, feita na base de dados da LILACS e MEDLINE utilizando os descritores “fibrose cística” e “genética”, no período de 2012 a 2022, incluindo artigos em português que respondessem a questão de pesquisa e excluindo teses, dissertações, carta ao leitor. **Resultados:** Utilizando a metodologia descrita, foram encontrados 29 artigos e após aplicar os critérios de inclusão e exclusão foram selecionados 3 artigos para compor a pesquisa. A maioria dos estudos analisados mostraram que a identificação do F508del no gene CFTR pode ser útil para diagnosticar geneticamente a FC, já que nas análises dos autores a mutação F508del do gene CFTR foi a mais encontrada nos pacientes estudados com FC. Evidenciou-se também a importância da identificação do F508del para um melhor aconselhamento genético, em um país com grande diversidade étnica, já que 63,9% dos pacientes da pesquisa apresentaram ao menos um alelo F508del. **Conclusão:** Conclui-se então que a identificação do F508del é um fator importante no diagnóstico da FC e ainda pode ser uma ferramenta útil no aconselhamento genético, embora sugere-se o incentivo de pesquisas sobre o tema para investigar técnicas inovadoras para o diagnóstico da FC.

**Palavras-chave:** Diagnóstico, Fibrose Cística, Genes.

## **PERFIL PROTEÔMICO DE EMBRIÕES BOVINOS (BOS TAURUS INDICUS) PRODUZIDOS IN VITRO**

VIEIRA, Joane Isis Travassos; FERREIRA-SILVA, José Carlos; SILVA, Fabiana Aparecida Cavalcante; PENA, Elton Pedro Nunes; OLIVEIRA, Marcos Antonio Lemos

### **RESUMO**

**Introdução:** A avaliação do proteoma em embriões mamíferos busca proporcionar maior probabilidade de identificação de marcadores moleculares funcionais, relacionados com a qualidade e a capacidade do desenvolvimento embrionário. **Objetivo:** Desta maneira, o presente estudo foi conduzido para caracterizar o perfil proteômico de embriões bovinos frescos produzidos *in vitro*. **Material e Métodos:** Os blastocistos foram avaliados em triplicata com pools de 25 embriões por réplica, sendo suas proteínas extraídas analisadas através de nanoLC -MS/MS, seguido por identificação no banco de dados UniProtKB (Uniprot – <http://www.uniprot.org/>). As proteínas identificadas foram classificadas quanto a sua massa molecular, ponto isoelétrico, enzimas, predição de modificações pós-traducionais (PTMs) e analisadas em termo de ontologia gênica (GO) e interatoma para enriquecimento funcional do proteoma dos embriões. Foram identificadas 84 proteínas nos embriões frescos de *B. taurus*. **Resultados:** Dessas, 21% estavam na faixa de 10-20 e 21% na faixa de 40-50 KDa de peso molecular. Em relação ao ponto isoelétrico, houve maior concentração de proteínas da faixa de pH 5-6, totalizando 36%. Os processos biológicos dessas proteínas estão relacionados principalmente a processos celulares, localização e transporte. De acordo com a função molecular, as proteínas foram mais associadas à ligação, ligação a íons e regulação da função molecular. Na GO referente a localização subcelular, a maioria das proteínas encontradas estavam presentes no espaço extracelular, citoesqueleto e citoplasma. Dentre as enzimas identificadas, houve destaque para as hidrolases, oxidoredutases e translocases. As principais PTMs foram clivagem proteolítica, amidação e ADP-ribosilação. Na análise da rede de interação, observou-se uma importante ponte, GAPDH que conecta dois grandes hubs de proteínas, um constituído por várias isoformas de queratinas e outro composto por proteínas diferentes, principalmente inibidores de proteases. **Conclusão:** Os resultados permitem concluir que a maioria das proteínas identificadas estão potencialmente associadas com processos biológicos, como processo celular, localização e transporte, fundamentais para o desenvolvimento de embriões bovinos produzidos *in vitro*.

**Palavras-chave:** Blastocisto, Lc/ms/ms, Proteômica, Reprodução.

## **DETERMINAÇÃO DO PROTEOMA DE EMBRIÕES BOVINOS (BOS TAURUS INDICUS) VITRIFICADOS PRODUZIDOS IN VITRO**

VIEIRA, Joane Isis Travassos; FERREIRA-SILVA, José Carlos; SILVA, Fabiana Aparecida Cavalcante; FREITAS, Lucas Carvalho De; OLIVEIRA, Marcos Antonio Lemos

### **RESUMO**

**Introdução:** A criopreservação é uma técnica fundamental para o armazenamento de gametas e embriões. Contudo, a utilização da proteômica como ferramenta para avaliar os efeitos da criopreservação sobre os embriões bovinos produzidos *in vitro* é escassa/inexistente. **Objetivo:** Identificar proteínas presentes em embriões bovinos vitrificados, bem como identificar biomarcadores relacionados a maior criotolerância de embriões bovinos produzidos *in vitro*. **Material e Métodos:** Os blastocistos foram avaliados em triplicata com pools de 25 embriões por réplica, sendo suas proteínas extraídas analisadas através de nanoLC - MS/MS, seguido por identificação no banco de dados UniProtKB (Uniprot –<http://www.uniprot.org/>). As proteínas identificadas foram classificadas quanto a sua massa molecular, ponto isoelétrico, enzimas, predição de modificações pós-traducionais (PTMs) e analisadas em termo de ontologia gênica (GO) e interatoma para enriquecimento funcional do proteoma dos embriões. **Resultados:** A análise dos espectros MS/MS do extrato protéico dos embriões vitrificados de *B. taurus* no banco dados permitiu a identificação de 66 proteínas. Em relação a massa molecular, houve maior incidência de proteínas na faixa de 40-50 KDa. Em relação ao ponto isoelétrico, a maior concentração de proteínas estava na faixa de pH 7-8. De acordo com a GO referente a processo biológico, as proteínas foram associadas a 209 processos funcionais, em relação a função molecular, as principais proteínas estão associadas a ligação, ligação a proteínas e a íons. A GO relativa ao componente celular, as principais proteínas embrionárias estavam presentes no espaço extracelular, citoplasma e complexo contendo proteínas. As principais enzimas foram as hidrolases, oxidorredutases e transferases. A clivagem proteolítica, amidação e ADP-ribosilação foram as PTMs que mais se destacaram. A análise do interatoma apresenta a formação de dois hubs formados pela ligação entre diferentes isoformas de queratinas e diferentes tipos de proteínas, destacando-se os inibidores de serino e cisteíno proteases, além da presença de um cluster envolvendo diferentes isoformas da proteína ZP2, 3 e 4 (zona pellucida sperm-binding protein). **Conclusões:** Os resultados permitem concluir que embriões bovinos produzidos *in vitro* submetidos à vitrificação apresentam proteínas associadas com processos biológicos de reprodução, estresse e processo metabólico de lipídios como responsáveis pela manutenção da viabilidade do embrião.

**Palavras-chave:** Blastocisto, Criopreservação, Lc/ms/ms, Proteoma, Reprodução.

## **DETECÇÃO E CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE ROTAVÍRUS A EM AMOSTRAS FECAIS DE CRIANÇAS, CÃES E BOVINOS EM GOIÁS**

ARAÚJO, Maisa Souza; FILHO, Gladsthon Divino De Sousa; REIS, Amanda Silva; BRANDÃO, Andyara Cecílio; FRANCO, Fernanda Craveiro; SILVA-SALES, Marcelle

### **RESUMO**

**Introdução:** O Rotavírus A (RVA) é o principal vírus associado a gastroenterite aguda (GA), acometendo animais e humanos, principalmente crianças de até 5 anos, sendo a segunda causa de óbito infantil mundialmente. Em 2006, a vacina Rotarix<sup>®</sup> foi introduzida no Programa Nacional de Imunização do Brasil, tendo sido observada uma redução do número de hospitalizações e mortes relacionadas a este vírus. **Objetivo:** O presente estudo tem por objetivo identificar a presença de RVA em amostras fecais de cães, bovinos e humanos de Goiás. **Material e Métodos:** Foram coletadas 212 amostras fecais de humanos e animais, com ou sem sintomas de GA, entre os anos 2019 e 2021, sendo 76 amostras de humanos (75 crianças de 0 a 5 anos e 1 adulto com 42 anos de idade) e 136 amostras fecais de animais (47 bovinos de 0 a 6 meses e 89 cães de 0 a 12 meses de idade). As amostras foram extraídas e a triagem para RVA foi realizada através das técnicas de eletroforese em gel de poliacrilamida e teste rápido imunocromatográfico, sendo observada uma positividade de 1,9% (4-212), sendo 2 de humanos e 2 de cães. As amostras positivas foram submetidas à amplificação dos genes que codificam para as proteínas VP7 e VP4 por RT-PCR, porém somente as amostras de humanos foram positivas por esta técnica. Uma proveniente de uma criança de 9 meses de idade, não vacinada, e outra de uma mulher de 42 anos, sem acesso à água potável e saneamento básico na residência. Ambas amostras foram submetidas ao sequenciamento do genoma completo viral pelo método Sanger. **Resultados:** A análise filogenética dos 11 genes virais demonstrou que as duas amostras pertencem ao genótipo G3P[8] de perfil equino, porém apesar de possuírem os mesmos genótipos, as amostras agrupam em *clusters* diferentes, demonstrando que há diversidade genética entre cepas desta variante em Goiás. **Conclusão:** Este estudo é pioneiro na caracterização molecular do genoma completo de RVA G3P[8] de perfil equino em Goiás e os presentes resultados reforçam a importância da vigilância epidemiológica deste vírus em animais e crianças e adultos, na tentativa de se garantir a manutenção da eficácia da Rotarix<sup>®</sup> no país.

**Palavras-chave:** Animais, Humanos, Gastroenterite Aguda, Rotarix<sup>®</sup>, Rotavírus A E.

## **RELAÇÃO ENTRE O CONSUMO DE ANTIBIÓTICOS E A PRESENÇA DE GENES DE RESISTÊNCIA EM ESTAÇÕES DE TRATAMENTO DE ESGOTO NA CIDADE DE ARACAJU – SE.**

MARQUES, Paulo Ricardo Conceição; BARBOSA, Ana Andréa Teixeira; JAIN, Sona Arun; DOLABELLA, Silvio Santana

### **RESUMO**

**Introdução:** O crescimento do consumo de antibióticos e o uso indevido aceleram as taxas de resistência bacteriana, dificultando o tratamento de doenças infecciosas. Isso ocorre devido à exposição frequente aos antibacterianos que selecionam linhagens capazes de sobreviverem a concentrações acima dos limiares de inibição ou toxicidade dos antibióticos. A vigilância integrada da resistência a antibióticos é um dos objetivos do plano de ação global da Organização Mundial de Saúde sobre resistência antibacteriana, porém a escassez de dados em muitas partes do mundo limita o gerenciamento do desenvolvimento da resistência. Neste aspecto, a presença de bactérias resistentes a antibióticos nas águas residuais reflete a atual situação de resistência clínica local. **Objetivos:** Os objetivos desta pesquisa foram: analisar o consumo de antibióticos pela população do município de Aracaju-SE; relacioná-lo com a presença de genes de resistência a antibióticos em amostras de águas residuais brutas e tratadas das estações de tratamento de esgoto locais, e verificar o papel destas estações na promoção ou limitação da disseminação destes genes no meio ambiente. **Material e métodos:** Através do Sistema Nacional de Gerenciamento de Produtos Controlados da Agência Nacional de Vigilância Sanitária foram identificadas as classes de antibióticos mais consumidas pela população local entre 2014 e 2020. Amostras de águas residuais brutas e tratadas foram coletadas em quatro estações e submetidas à extração e quantificação de DNA. Posteriormente, utilizando primers específicos, foram realizadas PCR convencionais para a detecção dos genes que conferem resistência às classes de antibióticos mais consumidas. **Resultados:** As classes mais consumidas no período (78%) foram: betalactâmicos (42%), quinolonas (16%), macrolídeos (12%) e aminoglicosídeos (8%). Os genes de resistência para betalactâmicos (blaTEM), quinolonas (qnrS), macrolídeos (ermB) e aminoglicosídeos (aacC2) foram detectados em 100% das amostras de esgoto bruto, enquanto que nas tratadas foram 100%, 50%, 50% e 75%, respectivamente. **Conclusão:** O consumo de antibióticos é intrínseco à prevalência de genes de resistência em estações de tratamento de esgoto que não foram projetadas para remoção destes contaminantes emergentes e, conseqüentemente, contribuem para a disseminação dos mesmos na natureza. Por fim, o monitoramento destes genes no esgoto pode complementar a vigilância da resistência no município.

**Palavras-chave:** Antibióticos, Esgoto, Genes, Resistência, Vigilância.

## **REGENERAÇÃO DÉRMICA ASSOCIADA AO CURATIVO DE PRESSÃO NEGATIVA**

TESSELE, Hellen; TESSELE, Hellen

### **RESUMO**

**Introdução:** A quantidade de pacientes com queimaduras, traumas e feridas cutâneas vem evoluindo há décadas de forma avançada, e junto a eles a biologia sintética vem progredindo de modo conjunto a eles, obtendo grandes resultados com as resoluções cutâneas desenvolvidas ao longo dos anos. Com base na cobertura e regeneração cutânea relacionada a defeitos congênitos teciduais de revestimento e de pele, foi desenvolvido a matriz de regeneração dérmica que por sua vez é uma combinação de substituto dérmico combinando uma matriz colágena a uma camada externa de silicone, como substituto epidérmico. Essa matriz vem sendo associada ao curativo de pressão negativa, resultando na aceleração da maturação dessa regeneração dérmica, estimulando a angiogênese, reduzindo os riscos de complicações, após essa maturação, a camada de silicone é removida e substituída por um autoenxerto de pele disponível. **Objetivo:** O objetivo desse resumo é analisar os resultados em relação ao uso dessa matriz de regeneração dérmica simultaneamente ao curativo e observar as vantagens sobre o uso em pacientes com estes traumas teciduais. **Material e Métodos:** Foi analisado no total de cinquenta e quatro prontuários de pacientes submetidos a combinação da matriz com o curativo de pressão negativa do Hospital Infantil Joana de Gusmao em um serviço de cirurgia pediátrica, no período de cinco anos. **Resultados:** Após esta análise, os resultados mostraram que a complicação inicial mais comum foi a de hematomas no local da aplicação, e levou em média quatorze dias para a maturação dessa matriz com a necessidade de duas trocas de curativo apenas. **Conclusão:** Concluiu-se que a a matriz de regeneração dérmica associada ao curativo de pressão negativa acaba que por sua vez reduzindo a necessidade de manuseio frequente no curativo, reduzindo o tempo de maturação da matriz e risco de complicações, não só mas também, na redução da permanência na internação hospitalar.

**Palavras-chave:** Biologia, Curativo, Cutâneo, Pele Artificial, Traumas Teciduais.

## **INFLUÊNCIA DO POLIMORFISMO 677C>T (RS1801133) DO GENE MTHFR NO RISCO DE EVENTOS DE RECAÍDAS E/OU ÓBITOS EM PACIENTES PEDIÁTRICOS COM LEUCEMIA LINFOBLÁSTICA AGUDA DA REGIÃO NORTE DO BRASIL.**

SILVA, Débora Evelyn Ferreira; SANTOS, Ney Pereira Carneiro Dos; CARVALHO, Darlen Cardoso De

### **RESUMO**

**Introdução:** A leucemia linfoblástica aguda (LLA) é a principal causa de morte por câncer pediátrico em todo o mundo. Na região norte do Brasil, cerca de 60% dos pacientes não respondem ao tratamento convencional para LLA, apresentando baixa sobrevida e complicações toxicológicas decorrentes da quimioterapia. Polimorfismos em genes que codificam enzimas metabolizadoras de fármacos, como o gene *MTHFR*, podem contribuir para baixa sobrevida à quimioterapia da doença. **Objetivos:** Investigar a associação do polimorfismo 677C>T (rs1801133) no gene *MTHFR* com o risco de eventos de recaídas e/ou óbitos no tratamento da LLA em pacientes pediátricos da região Norte do Brasil. **Material e métodos:** O estudo foi aprovado pelo Centro de Ética e Pesquisa em Seres Humanos do Instituto de Ciências da Saúde (ICS) da Universidade Federal do Pará, sob o número 119.649. Foram incluídos no trabalho 136 pacientes com LLA (92 homens e 44 mulheres) com idade média de 4,86 anos (intervalo de 1-15 anos), todos atendidos entre os anos de 2016 e 2018 em dois hospitais públicos de referência no tratamento oncológico infantil do Norte do Brasil (Hospital Ophir Loyola e Hospital do Câncer Infantil Octavio Lobo). A genotipagem do polimorfismo foi realizada através do sistema *TaqMan*, utilizando o equipamento *7500 Real-Time PCR System*. O *software* SPSS v. 25.0 foi empregado para realizar todas as análises estatísticas, sendo considerado significativo o valor de  $p \leq 0,05$ . **Resultados:** Durante o tratamento 62 (45,6%) pacientes investigados apresentaram eventos de recaídas e/ou óbitos. O genótipo selvagem CC da variante 677C>T (rs1801133) no gene *MTHFR* foi associado à proteção contra eventos de recaídas e/ou óbitos durante o tratamento para LLA infantil, em relação aos portadores de outros genótipos ( $P = 0,040$ ,  $OR = 0,322$ ,  $IC\ 95\% = 0,109 - 0,950$ ). **Conclusão:** Os resultados gerados podem ajudar a elucidar como as características genéticas do paciente contribuem para eventos de recaídas e mortalidade na população estudada. A variante 677C>T (rs1801133) no gene *MTHFR* pode ser utilizada como potencial marcador para estratificar precocemente pacientes com alto risco de eventos de recaídas e/ou óbitos no tratamento da LLA infantil na população investigada.

**Palavras-chave:** Leucemia Linfoblástica Aguda, Mortalidade, Mthfr, Pediatria, Recaídas.

## CARACTERIZAÇÃO DA PROTEÍNA EIF5A EM CHLAMYDOMONAS REINHARDTII E SUAS APLICAÇÕES BIOTECNOLÓGICAS

SILVA, Bárbara Luísa Chagas Da; LUCHESSI, Augusto Ducati

### RESUMO

**Introdução:** A *Chlamydomonas reinhardtii* é uma microalga verde unicelular de aproximadamente 10  $\mu\text{m}$  da família Chlamydomonadaceae. Ultimamente é objeto de estudo em biotecnologia na produção de proteínas recombinantes, biodiesel, biorremediação e nutrição humana. Através de análises genômicas comparativas é possível rastrear genes de *C. reinhardtii* até genes ancestrais comuns planta-animal, os quais são corroborados por pesquisas proteômicas onde observa-se diversas proteínas homólogas entre esses reinos. Dentre estas, o fator de início de tradução de eucariotos 5A (eIF5A), uma proteína conservada entre eucariotos e seus homólogos archaea, cuja atividade é dependente de um resíduo de aminoácido denominado hipusina, o qual é produzido pós-traducionalmente apenas nesta proteína. Sabe-se que a eIF5A possui grande importância no reino animal atuando no metabolismo de mRNA; porém, há poucos estudos no reino vegetal, ainda que sua relevância seja reconhecida no crescimento, desenvolvimento, senescência e resistência ao estresse. Assim, é de grande interesse o estudo desta proteína em microalgas, visto que não há estudos com foco em eIF5A nesses organismos. **Objetivo:** Este estudo tem como objetivo a identificação e caracterização de eIF5A em *C. reinhardtii*. **Materiais e Métodos:** Foram realizadas análises *in silico* para caracterização da homologia entre variantes transcricionais e isoformas da proteína eIF5A entre plantas já validadas e *C. reinhardtii*. Para a identificação da proteína, foi feito o cultivo da microalga em meio de cultura padrão Tris Fosfato Acetato - TAP e preparo de extrato proteico total para análise por western blotting. **Resultados:** Mediante ferramentas de bioinformática para análises *in silico*, BLAST e MSA, obtivemos o perfil de alinhamento entre regiões dos diferentes transcritos (UTR5', CDS e UTR3') e da sequência de aminoácidos de eIF5A de *C. reinhardtii*, em comparação com as plantas modelos *Arabidopsis thaliana* e *Nicotiana tabacum* e de interesse comercial *Eucalyptus grandis*, *Zea mays*, *Glycine max* e *Saccharum officinarum*. Através de western blotting, foi detectado uma banda expressiva de tamanho correspondente à proteína eIF5A (17kDa), utilizando anticorpo anti-eIF5A humano. **Conclusão:** A partir das evidências observadas, torna-se relevante a caracterização molecular de eIF5A em *C. reinhardtii*, para que possamos realizar ensaios funcionais e manipulações gênicas visando o aperfeiçoamento da plataforma biotecnológica de microalgas.

**Palavras-chave:** Biotecnologia, Eif5a, Microalgas.

## **POLIMORFISMO RS17116806 NA PREDIÇÃO DE RISCO DE MUCOSITE ORAL EM PACIENTES COM CÂNCER GASTROINTESTINAL SUBMETIDOS À QUIMIOTERAPIA COM 5-FLUOROURACIL.**

BRITO, Milean Jael Sales Costa De; CARVALHO, Darlen Cardoso De; MORAIS, Yasmin Oliveira; SANTOS, Ney Pereira Carneiro Dos; FERNANDES, Marianne Rodrigues

### **RESUMO**

**Introdução:** Os cânceres gastrointestinais apresentam altas taxas de incidência e são causa importante de morbidade no mundo. O tratamento quimioterápico dessas neoplasias envolve o medicamento 5-Fluorouracil (5-FU), que é metabolizado pela enzima DPD, codificada pelo gene DPYP. Polimorfismos no gene DPYP podem interferir na resposta ao 5-FU e contribuir na modulação do risco de desenvolver toxicidades. A Mucosite Oral (MO) é uma das principais complicações toxicológicas observadas no tratamento com 5-FU em pacientes portadores de câncer gastrointestinal. **Objetivos:** Investigar a associação do polimorfismo C>A (rs17116806) do gene DPYP e à ocorrência de MO em pacientes portadores de câncer gástrico (CG) e colorretal (CCR) em tratamento com o quimioterápico 5-FU. **Material e Métodos:** O estudo tem caráter transversal e retrospectivo e foi aprovado pelo comitê de ética em pesquisa sob o número do parecer: 231.244/2013. Foram incluídos no estudo 216 pacientes, sendo 92 com diagnóstico de CG e 124 de CCR, todos em tratamento 5-FU, isolado ou em combinação 5FU/LV (5-FU e leucovorin), FOLFIRI (5-FU, irinotecano e leucovorin) ou FOLFOX (5-FU, leucovorin, oxaliplatina). Os pacientes foram tratados, entre os anos de 2017 e 2018, em dois hospitais oncológicos de referência, Unidade de Alta Complexidade em Oncologia-UNACON e Ophir Loyola-HOL, ambos localizados na cidade de Belém-PA. A genotipagem do polimorfismo foi realizada através do sistema TaqMan, utilizando o equipamento 7500 Real-Time PCR System. O software SPSS v. 25.0 foi empregado para realizar todas as análises estatísticas, sendo considerado significativo o valor de  $p \leq 0,05$ . **Resultados:** Durante o tratamento, 50 pacientes apresentaram MO. As frequências alélicas nos grupos de pacientes que apresentaram e não apresentaram MO foram, respectivamente: C= 0,67/0,52 e A= 0,33/0,48. Os pacientes que apresentavam o genótipo CC obtiveram um risco de 2,3 maior de desenvolver MO em relação aos que tinham outros genótipos (OR = 2,272; IC 95% = 1,175 – 4,393; P = 0,015). **Conclusão:** Os resultados sugerem que o genótipo CC da variante rs17116806 do gene DPYP pode desempenhar um papel clínico importante no risco de ocorrência de MO em pacientes portadores de câncer gastrointestinal em tratamento com o quimioterápico 5-FU na amostra investigada.

**Palavras-chave:** Mucosite Oral, 5-fluorouracil, Dpyp, Câncer Gástrico, Câncer Colorretal.

## **SÍNDROME DE TURNER: UMA REVISÃO BIBLIOGRÁFICA**

OLIVEIRA, Raiane Azevedo De; ALVEZ, Richard Tarcísio De Lima

### **RESUMO**

**Introdução:** A síndrome de Turner (ST) é uma doença rara causada por alterações nos cromossomos sexuais femininos, e é decorrente da presença de um cromossomo X normal, e a ausência total ou parcial do outro cromossomo. A falha de um dos cromossomos leva a vários sinais, como o pescoço curto e largo, atraso da puberdade como também a infertilidade e algumas anomalias congênitas e adquiridas, tais como problemas cardiovasculares e renais, deficiência auditiva, hipertensão entre outras. Com isso além das pacientes com ST apresentarem dificuldades emocionais, pesquisas mostram uma baixa auto-estima quando comparadas com meninas de cariótipo normal. **Objetivos:** Realizar uma revisão bibliográfica acerca do diagnóstico e tratamento da ST através dos estudos na plataforma digital Google Acadêmico. **Material e métodos:** Para realização da pesquisa foram usadas as seguintes palavras-chaves: “síndrome de turner”, “cariótipo”, “função gonadal”. Foram usados os seguintes critérios de inclusão: artigos que fossem unicamente sobre síndrome de turner, de 2000 a 2021, e escritos no idioma português. **Resultados e discussão:** Segundo pesquisas, o tratamento a longo prazo com GH (Growth Hormone, Hormônio do crescimento ou Somatotrofina, o qual é um hormônio sintetizado e secretado pela glândula hipófise anterior e, é responsável pelo estímulo ao crescimento e a reprodução celulares em humanos) aumenta a altura destes indivíduos sendo que o fator que mais influencia este ganho da altura é a idade do início do tratamento, pois essa é uma doença multissistêmica com necessidade de acompanhamento por várias especialidades, não só para o controle dos problemas médicos detectados durante a infância, mas também de forma a prevenir e detectar outras patologias com incidência aumentada nesta síndrome. **Conclusão:** É importante alertar as mães para que desde cedo elas tenham estratégias de tratamento desses sintomas, para a diagnose precoce, que é essencial para diminuir e controlar os impactos da doença ao indivíduo acometido.

**Palavras-chave:** Síndrome de Turner, Cariótipo, Função Gonadal.

## **REPOSICIONAMENTO DE ANTIBIÓTICOS POR DOCAGEM MOLECULAR COMO INIBIDOR DA PROTEÍNA SPIKE NO CORONAVÍRUS SARS-COV-2**

SOUSA, Cássio Silva

### **RESUMO**

**Introdução:** Os coronavírus, são vírus de RNA de fita positiva com glicoproteínas, membros da família Coronaviridae e subfamília Coronavirinae. Os antibióticos são drogas que agem contra infecções bacterianas. Recentemente, observamos que o antibiótico azitromicina tem sido adotado em todo o mundo como medicamento para o combate ao novo coronavírus, o que poderia abrir possibilidade do estudo de novos fármacos dentro da linha dos antibióticos. **Objetivo:** Temos por objetivo, realizar o reposicionamento de antibióticos por docagem molecular como inibidor da proteína spike no coronavírus sars-cov-2. **Material e métodos:** Com a esperança de identificar medicamentos candidatos contra o 2019-nCoV, utilizamos um estudo computacional por docagem molecular para rastrear os medicamentos antivirais na literatura que possam funcionar como inibidores de proteínas do 2019-nCoV. Um estudo computacional foi usado neste trabalho para rastrear possíveis antibióticos que possam ser reposicionados contra a covid-19, e para isso utilizamos um estudo in silico por docagem molecular para simular as interações moleculares em três sítios de ligação da proteína spike do novo coronavírus. Foi usado neste trabalho o softwer AutoDock Tools para o processo de docagem molecular na busca de resultados precisos que possa mostrar a energia de ligação junto a sua constante de inibição dos antibióticos envolvidos com a proteína spike 6VXX, e o Chimera na busca de ilustrações em 3D do envolvimento com os grupos de antibióticos. Foram selecionados 55 antibióticos das classes penicilinas, cefalosporinas, quinolonas, aminoglicosídeos, macrolídios, tetraciclina e outros grupos. **Resultados:** Foram realizadas 165 docagens e os melhores parâmetros de afinidade molecular foram obtidos entre os antibióticos cefoperazona com  $-9.4 \text{ kcal.mol}^{-1}$ , e mezlocilina com  $-9.1 \text{ kcal.mol}^{-1}$ . Foi observado que o sitio ativo 2 concentrou os melhores parâmetros de afinidade molecular na proteína spike. **Conclusão:** Portanto, podemos sugerir que possivelmente a cefoperazona e mezlocilina também poderiam ser reposicionadas para o tratamento da covid-19. Mas por se tratar de estudos iniciais, testes de dinâmica molecular serão realizados para as confirmações das energias bem como os testes em outras proteínas do ciclo viral da doença. Assim, possibilitando a criação de compostos que seja eficaz no tratamento da covid-19.

**Palavras-chave:** Coronavírus, Antibióticos, Proteína.

## MONITORIA DE GENÉTICA NO ENSINO REMOTO: RELATO E PERCEPÇÕES

VIEIRA, Manoela Colpes; RUSCHI, Karolaine Beatriz; BOBROWSKI, Vera Lucia;  
ROCHA, Beatriz Helena Gomes

### RESUMO

**Introdução:** Genética é considerada uma disciplina complexa por exigir conhecimentos prévios, abstração e possuir uma quantidade expressiva de conceitos e termos próprios, levando a altas taxas de retenção e de evasão. Assim, a atividade de monitoria é imprescindível, pois beneficia graduandos com fragilidades de aprendizagem em conteúdos específicos, incentiva o protagonismo acadêmico e o crescimento do monitor pela experiência de aprender para ensinar. Durante a pandemia da Covid-19, com a reorganização do cenário acadêmico para a implementação do Ensino Remoto, o monitor teve um papel singular nesse processo. **Objetivos:** Relatar experiências de monitoria durante o Ensino Remoto e percepções dessa vivência. **Material e métodos:** As atividades ocorreram no período de junho/2020 a dezembro/2021, durante o qual foi avaliado qualitativamente o aproveitamento dos alunos após as intervenções realizadas com as monitoras em disciplinas de Genética. As ações aconteceram no sistema e-Aula/UFPel, no *Google Meet* e no *WhatsApp*. **Resultados:** O monitor é um mediador do conhecimento, portanto, necessita possuir os conteúdos abordados consolidados, familiaridade com técnicas de aprendizagem e discernimento na seleção de métodos de ensino que considerem a individualidade e a forma de aprender do monitorado. Para a monitoria os assuntos ministrados pelas docentes eram previamente organizados e estudados e nas ações utilizadas resoluções de exercícios, revisões de tópicos por meio de desenhos, vídeos, textos e exemplos. A seriedade e a maturidade fazem parte do amadurecimento do monitor, favorecendo a construção coletiva e participativa do saber. O desenvolvimento responsável de um projeto implica em planejamento de tempo para o atendimento das etapas do processo (elaboração, preparação e execução), além de reorganização da rotina acadêmica, para evitar prejuízo dos demais compromissos e negligência com a função assumida. **Conclusões:** A monitoria é importante para o aprendizado e uma ferramenta eficaz para o Ensino Remoto, pois beneficia as esferas envolvidas, docentes, discentes e monitores, propiciando satisfação profissional e pessoal. A manutenção e a ampliação dos programas de monitoria nas universidades são primordiais, porquanto incentivam a participação de um maior número de graduandos no universo da formação docente, auxiliam na superação de desafios, possibilitam melhora do rendimento acadêmico e aumentam as expectativas das próximas vivências.

**Palavras-chave:** Aprendizagem, Covid-19, Monitorado.

## DESAFIOS DO ENSINO DE GENÉTICA NO AMBIENTE VIRTUAL DE APRENDIZAGEM DURANTE A PANDEMIA DA COVID-19

NÚÑEZ, Fernanda Ferreira; BASTOS, Juliana Vargas; BOBROWSKI, Vera Lucia;  
ROCHA, Beatriz Helena Gomes

### RESUMO

**Introdução:** O fascínio das pessoas por conteúdos da Genética é notório, contudo, fatores como vocabulário específico, cálculos matemáticos e nível de alfabetização científica interferem no seu entendimento. A preocupação constante com as formas de avaliar permanece nos espaços digitais de ensinar e de aprender. Assim, a análise de informações extraídas de atividades propostas aos acadêmicos no Ensino Superior auxilia no enfrentamento de dificuldades e na melhoria dos processos de ensino e aprendizagem. **Objetivos:** Relatar as preferências e o desempenho de acadêmicos na disciplina Genética do Metabolismo do Curso de Nutrição/UFPEL em atividade avaliativa no ambiente virtual. **Material e métodos:** Em 2020/2 foram disponibilizados dez Questionários Avaliativos (QA) no e-Aula/UFPEL, com dados coletados das métricas nesse ambiente virtual. Os QA foram configurados quanto à duração (36 horas); limite de tempo (60 minutos); nota para aprovação (7,0) e tentativas permitidas (2); opções de revisão. As questões eram sorteadas aleatoriamente pelo sistema a partir do banco de questões elaborado pelas docentes, de forma individualizada a cada tentativa. **Resultados:** O número de alunos matriculados foi reduzido de 59, início do semestre, para 51, ao seu término. O tempo médio de duração para responder os QA variou, aproximadamente, de 21 a 31 minutos, sendo os turnos da tarde e da noite os preferidos. A maioria dos acadêmicos que realizou a segunda tentativa melhorou o desempenho, com 40 utilizando uma segunda tentativa em algum dos dez QA. Talvez, realizar as tentativas disponíveis numa avaliação esteja mais associado ao perfil individual do que ao conteúdo de Genética ou a nota obtida previamente. Quanto ao rendimento acadêmico, dos 45 graduandos que concluíram a disciplina 44 foram aprovados e um reprovado por nota, sendo desconsiderados deste cálculo os seis reprovados por infrequência. Para a maioria, a redução da quantidade de conteúdos/avaliação no decorrer das 15 semanas letivas estimulou ao estudo frequente, impactando positivamente no rendimento e na aprendizagem. **Conclusões:** A análise contínua das preferências e do desempenho dos graduandos no transcorrer dos semestres possibilita a definição de objetivos, o planejamento e a seleção de estratégias educacionais, bem como o *feedback* para reforçar o aprendizado e a correção de distorções.

**Palavras-chave:** Avaliação, Coronavírus, Ensino Remoto, Rendimento Acadêmico.