



ANAIS DO I CONGRESSO DE GENÉTICA MÉDICA DO DELTA DO PARNAÍBA



Renata Canalle
Luciana Rocha Faustino
Ivã Sales Magalhães
Organização





ANAIS DO I CONGRESSO DE GENÉTICA MÉDICA DO DELTA DO PARNAÍBA

Renata Canalle
Luciana Rocha Faustino
Ivã Sales Magalhães
Organização



EDUFDPar



CONSELHO EDITORIAL

Francisco Antonio Machado Araújo (Presidente)
Algeless Milka Pereira Meireles da Silva (UFDPar)
Cintia Martins Perinotto (UFDPar)
Francisca Maria de Sousa (UFDPar)
Frederico Osanan Amorim Lima (UFDPar)
José Jonas Alves Correia (UFDPar)
Hélder Ferreira de Sousa (UFDPar)
Maria Dilma Ponte de Brito (UFDPar)
Manoel Dias de Souza Filho (UFDPar)
Natasha Teixeira Medeiros (UFDPar)
Pedro Jorge Sousa dos Santos (UFDPar)
Rosa Helena Rebouças (UFDPar)
Tatiane Caroline Daboit (UFDPar)
Jezio Hernani Bomfim Gutierre (Fund. Editora da UNESP)
Jakson Renner Rodrigues Soares – UdC (Espanha)
Juan Carlos Sierra - Universidade De Granada (Espanha)

ANAIS DO I CONGRESSO DE GENÉTICA MÉDICA DO DELTA DO PARNAÍBA
©Renata Canalle, Luciana Rocha Faustino, Ivã Sales Magalhães
1ª edição: 2026

EDITORAÇÃO

EDUFDPar

DIAGRAMAÇÃO

Os Autores

CAPA

Ivã Sales Magalhães

ILUSTRAÇÕES

Canva®

Ivã Sales Magalhães

Francisco Saymon Gomes da Silva

FICHA CATALOGráfICA

Universidade Federal do Delta do Parnaíba

FICHA CATALOGráfICA Universidade Federal do Delta do Parnaíba

C749 Congresso de Genética médica do Delta do Parnaíba (1.: 2026 : Parnaíba)
Anais do I Congresso de Genética Médica do Delta do Parnaíba
[recurso eletrônico] / Renata Canalle, Luciana Rocha Faustino, Ivã
Sales Magalhães, organizadores. – Parnaíba: EDUFDPar, 2026.
E-book, 62 p. il.: color.

ISBN: 978-65-82654-02-2

1. Genética médica. 2. Ciências da saúde. 3. Produção científica
- Genética. 4. Evento científico. I. Canalle, Renata (org.). II.
Faustino, Luciana Rocha (org.). III. Magalhães, Ivã Sales. IV.
Título.

CDD: 573.21

Bibliotecária responsável: Márcia de Arêa Leão Oliveira – CRB3 / 1003

DOI: 10.29327/5792627

Link de acesso: <https://doi.org/10.29327/5792627>



UNIVERSIDADE
FEDERAL DO DELTA
DO PARNAÍBA



Luís Inácio Lula da Silva

Presidente da República

Camilo Santana

Ministro da Educação

João Paulo Sales Macedo

Reitor

Vicente de Paula Censi Borges

Vice-Reitor

Rafael Araújo Sousa Farias

Pró-Reitor de Administração

Osmar Gomes de Alencar Junior

Pró-Reitor de Planejamento

Eugênia Bridget Gadelha Figueiredo

Pró-Reitora de Ensino de Graduação

Francisco Jander de Sousa Nogueira

Pró-Reitor de Extensão e Cultura

Jefferson Soares de Oliveira

Pró-Reitor de Pesquisa, Pós-Graduação e Inovação

Gilvana Pessoa de Oliveira

Pró-Reitora de Assistência Estudantil

Francisco Antonio Machado Araújo

Chefe Editor da EDUFDPar



Expediente

- **Comissão organizadora**

Renata Canalle - Presidente
Luciana Rocha Faustino - Presidente
Ivã Sales Magalhães - Secretário
Isabele Alves de Sousa - Monitor
Jessika Ferreira Aragão - Monitor
Juliana Sousa Ribeiro de Lima e Silva - Monitor
Kaline Santos Dantas - Monitor
Lucca Bonfim Leite de Moura Servulo - Monitor
Natássia Gabriele de França Saraiva - Monitor
Victor Augusto Vieira Lopes - Monitor
Wendell Moreira de Oliveira - Monitor
Yale Nascimento Pereira Guimarães - Monitor

- **Comissão científica**

Ivã Sales Magalhães - Coordenador
Alison Machado Santos - Avaliador
Auricélia Veras de Castro - Avaliador
Francisco Eduardo Canuto Martins - Avaliador
Isabele Alves de Sousa - Avaliador
Katriane Carvalho da Silva - Avaliador
Leonardo Santos Miranda - Avaliador
Rafaela Maria da Silva Ribeiro - Avaliador

- **Apoio institucional e patrocinadores**

Universidade Federal do Delta do Parnaíba (UFDPAr)
Núcleo de Extensão em Genética Médica (NUGEM/UFDPAr)
Grupo de Genética Humana e Médica (GeHMed/UFDPAr)
Associação de Pais e Amigos dos Excepcionais (APAE de Parnaíba)

Camuras Biodrinks
Leite Longá
Aiqfome
Hipercópias
Silvinha Doces

Apresentação

O Congresso de Genética Médica do Delta do Parnaíba (CONGENMDelta), realizado nos dias 20, 21 e 22 de março de 2025, constituiu o primeiro evento científico da área promovido pela Universidade Federal do Delta do Parnaíba (UFDPAr) e na região da Planície Litorânea piauiense. Com caráter multidisciplinar, o congresso reuniu profissionais, pesquisadores e estudantes de diferentes áreas da saúde como: Medicina, Biomedicina, Biologia, Fisioterapia e Psicologia, com o objetivo de fomentar a integração de saberes, a atualização científica e a formação crítica voltada à genética aplicada à prática clínica e laboratorial.

A programação contemplou palestras, minicursos, apresentações culturais e exposições de trabalhos científicos, promovendo espaços de diálogo e troca de experiências entre a comunidade acadêmica e a sociedade. Nesse contexto, destacou-se a relevância da genética e da genômica como ferramentas essenciais para a compreensão da fisiopatologia das condições genéticas, para o diagnóstico de doenças constitucionais e para o planejamento de condutas terapêuticas, evidenciando sua importância na qualificação do cuidado em saúde.

Considerando o expressivo contingente populacional da região e a crescente demanda por profissionais capacitados para lidar com condições de base genética, o evento buscou suprir a necessidade de iniciativas científicas regionais que estimulem a educação continuada, a pesquisa e a extensão universitária. Ademais, a aproximação com instituições sociais e organizações parceiras, como a APAE, reforçou o compromisso com a inclusão, a disseminação do conhecimento e a redução de estigmas relacionados às doenças genéticas e raras.

Os presentes anais reúnem os trabalhos apresentados durante o congresso e registram a produção científica compartilhada ao longo do evento, consolidando-se como instrumento de divulgação do conhecimento, valorização da pesquisa regional e incentivo à formação de recursos humanos comprometidos com a genética médica e com a promoção da saúde.

Mensagem dos Idealizadores

É com imensa satisfação e um profundo sentimento de realização que nos dirigimos a vocês através destas palavras. Como idealizadores do I Congresso de Genética Médica do Delta do Parnaíba (CONGENMDelta), sentimos um orgulho imensurável ao ver um sonho, semeado em longas conversas e muito planejamento, florescer e se concretizar de forma tão grandiosa. Quando concebemos este evento, nosso maior desejo era criar um marco para a Genética Médica em nossa região, um espaço de vanguarda para a disseminação do conhecimento e o fortalecimento da ciência na Planície Litorânea piauiense. Queríamos conectar mentes brilhantes, inspirar jovens talentos e, acima de tudo, reforçar a importância da genética como pilar fundamental para o futuro da saúde.

Ao olharmos para trás, para os dias 20, 21 e 22 de março de 2025, vemos muito mais do que uma programação bem-sucedida. Vemos um auditório vibrante, corredores repletos de diálogos e a energia contagiante de estudantes, pesquisadores e profissionais de diversas áreas, unidos por um propósito comum. Cada palestra, cada minicurso e cada trabalho apresentado foi uma peça essencial na construção de uma ponte sólida entre a academia e a prática clínica, entre a pesquisa de ponta e o cuidado humanizado ao paciente. Este congresso nasceu da convicção de que a UFDPAr, nossa casa, tem o potencial e a responsabilidade de liderar iniciativas que transformam a realidade local. A parceria com instituições como a APAE e o engajamento da comunidade reforçaram nosso compromisso social, lembrando-nos que a ciência só atinge seu pleno valor quando serve à sociedade, promove a inclusão e combate o estigma.

Os anais que vocês têm em mãos são o registro perene dessa jornada. Eles não apenas compilam a valiosa produção científica compartilhada, mas também simbolizam o espírito de colaboração e a excelência que nortearam nosso encontro. Que estas páginas sirvam como fonte de inspiração, consulta e, principalmente, como um convite para que continuemos a trilhar juntos o fascinante caminho da genética. Agradecemos a cada um de vocês palestrantes, participantes, organizadores e voluntários, por acreditarem neste projeto e por darem vida ao CONGENMDelta. Este evento não foi apenas nosso; foi de todos nós.

Que este seja o primeiro de muitos capítulos de uma longa e frutífera história.
Com gratidão e entusiasmo,



Equipe do I CONGENMDelta

Sumário

Programação Científica.....	14
Premiações.....	18
A IMPORTÂNCIA DOS BIOMARCADORES NA DETECÇÃO PRECOCE DO CÂNCER DE MAMA: UMA REVISÃO INTEGRATIVA.....	22
<i>Laiza Tailane Santana de Castro, Rikelly Martins dos Reis, Nayane Siqueira Oliveira, Bianca Sáilan Ricardo Custodio Ferreira, Nikaely Brandão Barbosa, Jailra Machado Lopes, Fábio José Nascimento Motta</i>	
A TECNOLOGIA DO MICRORNA COMO BIOMARCADOR DO CÂNCER DE MAMA: UMA REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	23
<i>Ana Beatriz Mendes Mousinho, Giovanna Carvalho Ramos, Cândida Campelo Batista</i>	
ANOMALIAS CONGÊNITAS EM PARNAÍBA - PI: PERFIL DE PREVALÊNCIA, MORTALIDADE E FATORES ASSOCIADOS NO PERÍODO DE 2018 A 2023.....	24
<i>Gabriel Talles Magalhães Ferreira, Victor Augusto Vieira Lopes, Renata Canalle</i>	
ANÁLISE BIOINFORMÁTICA DE BGCS NA BIOSÍNTESE DE MICOTOXINAS EM FUNGOS CONTAMINANTES DE ALIMENTOS.....	26
<i>José Isaias Pimentel Barros, Anna Letícia Silva Da Costa, Nathália Silva Batista, Marcos Davi de Sousa Campos, Amanda Macedo Lima, William Matheus Coelho Rodrigues</i>	
ANÁLISE ESPACIAL E TEMPORAL DA MORTALIDADE POR CÂNCER DE PRÓSTATA NO MARANHÃO DE 2013 A 2023: UM ESTUDO ECOLÓGICO.....	28
<i>Julio Cesar Fernandes de Aquino, Marco Antonio dos Santos Dourado, Luciana Rocha Faustino</i>	
ANÁLISE SOCIOESPACIAL E TEMPORAL DA MORTALIDADE NEONATAL POR ANOMALIAS CROMOSSÔMICAS EM PERNAMBUCO DE 2012 A 2022: UM ESTUDO ECOLÓGICO.....	29
<i>Marco Antonio dos Santos Dourado, Laissa Vitória de Siquiera Riberiro, Vanessa Poleana Silva</i>	

Sumário

APLICAÇÃO DA METAGENÔMICA NA DETECÇÃO DE PATÓGENOS PRESENTES EM DIFERENTES MICROBIOMAS.....31

Amanda Macedo Lima, William Matheus Coelho Rodrigues, Marcos Davi de Sousa Campos, José Isaias Pimentel Barros, Hivana Patricia Melo Barbosa Dall'Agnol

ASPECTO GENÉTICO DA NEOPLASIA MIELODISPLÁSICA COM DEL(5q) ISOLADA.....33

João Vitor Alves Dos Santos

AVALIAÇÃO DO POTENCIAL MUTAGÊNICO E ANTIMUTAGÊNICO DO HÍBRIDO DE CHALCONA-SULFONAMIDA 99 NO MODELO DE *Drosophila melanogaster*.....34

Jayane Da Silva Sousa, Jessica Maria Teles Souza, Caridad Noda Pérez, Mirian Rita Carrilho de Castro, José Delano Barreto Marinho Filho, Ana Jersia Araujo

CONEXÃO LIAGEN: A LUDICIDADE DO ENSINO DA GENÉTICA POR MEIO DA PLATAFORMA INSTAGRAM.....36

Manoela Campos, Marina Nascimento Vêras, Victor Augusto Vieira Lopes, José Francisco de Oliveira Filho, Cíntia Martins Perinotto

CUSTOS DOS PROCEDIMENTOS CIRÚRGICOS PARA ANOMALIAS CRÂNIO BUCOMAXILOFACIAIS NO PIAUÍ ENTRE 2020 E 2024: UMA ANÁLISE NA PERSPECTIVA DO SUS.....38

Matheus Monteiro Costa, Honório Ribeiro dos Santos Neto, Carla Yasmin Campos Galdez, Sheila Elke Araujo Nunes

EPIDEMIOLOGIA DO CÂNCER DE CÓLON NO PIAUÍ.....39

Glória Maria de Freitas Sousa, Wesley Da Silva Souza

FLAVONOIDE LUTEOLINA COMO AGENTE ANTI-TUMORAL NO ÂMBITO TERAPÊUTICO DO CÂNCER.....40

Marina Nascimento Vêras, Benjamin de Sousa Oliveira, Benedito dos Santos Alves, Bruna Silva do Nascimento, Romério de Oliveira Lima Filho

Sumário

FRONTEIRAS DA NEUROGENÉTICA: O PAPEL DA COMBINAÇÃO SLC6A3 3'-UTR VNTR E INTRON 8 VNTR NA ATIVIDADE DO CÓRTEX CEREBRAL DURANTE A TEMPORIZAÇÃO.....42

Bianca Maria de Oliveira Sousa, Giovanny Rebouças Pinto, France Keiko Nascimento Yoshioka, Victor Hugo do Vale Bastos, Aline Miranda da Conceição, Francisco Victor Costa Marinho

GENÉTICA E INTELIGÊNCIA ARTIFICIAL: A INTERSEÇÃO ENTRE O CÓDIGO DA VIDA E ALGORITMOS TECNOLÓGICOS.....43

Marina Nascimento Vêras, Benjamin de Sousa Oliveira, Benedito dos Santos Alves, Gabriel da Silva Brito, Bianca Maria de Oliveira Sousa, Giovanny Rebouças Pinto

IDENTIFICAÇÃO DE CLUSTERS GÊNICOS DE BACTÉRIAS ASSOCIADAS À COINFECÇÃO DE PACIENTES COM SARS-COV-2.....45

Marcos Davi De Sousa Campos, Amanda Macedo Lima, William Matheus Coelho Rodrigues, José Isaias Pimentel Barros, Anna Letícia Silva Da Costa, Nathália Silva Batista

MÉTODOS DE DIAGNÓSTICOS MOLECULARES PARA DETECÇÃO DE PATÓGENOS CONTAMINANTES DE ALIMENTOS – UMA REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....47

Izabela dos Santos Alves, Iweltman dos Santos Alves, Pedro Sanches dos Reis

PAPEL DOS MICRORNA'S NO PROCESSO ONCOGÊNICO DURANTE A INFECÇÃO PELO HIV: UMA REVISÃO DE LITERATURA.....48

Sara Jullie Da Silva Vieira, Bruno Antonio Ximenes Albuquerque, Maria Raquel Dias Dantas, Laiza Tailane Santana de Castro, Lívia Rodrigues Silveira, Rafaela Maria da Silva Ribeiro

PERFIL EPIDEMIOLÓGICO DA MORTALIDADE GERAL POR DEFICIÊNCIA HEREDITÁRIA DO FATOR VIII NO BRASIL, DURANTE O PERÍODO DE 2000 A 2023.....49

Kaylany Paes dos Santos, Ruan Pábulo Bandeira Pinto, Mariana Fochesato, Leiz Maria Costa Vêras, Ayanne Araújo Rodrigues

Sumário

POTENCIAL PAPEL DOS miRNAs PARA ESTRATÉGIA TERAPÊUTICA NA LEUCEMIA LINFOCÍTICA CRÔNICA: UMA REVISÃO DE LITERATURA.....51

Jayane Da Silva Sousa, Sabrina Soares Silva, Nayane Siqueira Oliveira, Rayna Katlhey Gomes da Silva, Mylena Vidal de França, Luis Guilherme Duarte Feitosa

SAINDO FORA DA CAIXA: O POLIMORFISMO SLC6A3 3'-UTR VNTR PODE MODULAR A REGULAÇÃO DO SONO?.....53

Bianca Maria de Oliveira Sousa, Victor Hugo do Vale Bastos, Giovanni Rebouças Pinto, Aline Miranda da Conceição, France Keiko Nascimento Yoshioka, Francisco Victor Costa Marinho

TERAPIAS BASEADAS EM EDIÇÃO DE GENES: O POTENCIAL DO CRISPR-CAS9 NO TRATAMENTO DE HEMOGLOBINOPATIAS.....54

Bruna Kelly Tavares de Sousa, Iara Maria Dos Reis Borges, Lorena Silva Carvalho

UTILIZAÇÃO DE BIOMARCADORES NA IDENTIFICAÇÃO DA ORIGEM DE MICRORGANISMOS CONTAMINANTES AO REDOR DO MUNDO.....56

William Matheus Coelho Rodrigues, Amanda Macedo Lima, Marcos Davi de Sousa Campos, Hivana Patricia Melo Barbosa Dall'Agnol

ÍNDICES EPIDEMIOLÓGICOS DO CÂNCER DE MAMA NO RIO GRANDE DO NORTE.....57

Thayanne Thyssyanne de Souza Soares Costa, Crisanda Rayanne De Araujo Camara, Fernanda Sofia Oliveira Fonseca, Fernanda Fernandes de Araújo

Sobre a Organização.....58

Programação Científica

Dia 20/03/2025

Local/ Horário	Atividade	Ministrante
UFDFPar / 08:30 às 11:00	Apresentação de Trabalhos - Comunicação Oral	-/-
UFDFPar / 09:00 às 12:00	Minicurso - Princípios Básicos da Técnica de Polymerase Chain Reaction (PCR)	Dra. Renata Brito dos Reis
UFDFPar / 11:00 às 12:00	Apresentação de Trabalhos - Banner	-/-
YouTube / 14:00 às 15:00	Conferência Online - Abertura Magna do Congresso de Genética Médica do Delta do Parnaíba	Dra. Luciana Rocha Faustino, Dra. Renata Canalle
YouTube / 15:00 às 17:00	Mesa Redonda Online - Utilização de Modelos Animais para o estudo do Desenvolvimento Fisiológico	Dr. Fabiano Carlos Pinto de Abreu, Me. Ana Carolina de Seni Silva, Me. Romério de Oliveira Lima Filho
Google Meet / 19:30 às 22:00	Apresentação de Trabalhos - Online	-/-

Programação Científica

Dia 21/03/2025

Local/ Horário	Atividade	Ministrante
UFDPPar / 09:00 às 10:00	Palestra - Relevância das Variantes Genéticas para a Prática Clínica	Bel. Ivã Sales Magalhães
UFDPPar / 10:00 às 11:00	Palestra - Marcadores Ultrassonográficos do 1º Trimestre de Cromossomopatias	Dr. Leonam Costa Oliveira
UFDPPar / 11:00 às 12:00	Palestra - A Genética Médica e a Saúde das Comunidades	Dr. Augusto César Cardoso dos Santos
UFDPPar / 14:00 às 16:00	II Sarau do Dia Internacional da Síndrome de Down	APAE de Parnaíba
UFDPPar / 16:00 às 17:00	Palestra - O Poder do afeto para o Desenvolvimento Neurofuncional de Pessoas com Deficiência	Dra. Heloisa Marques
YouTube / 17:30 às 18:30	Palestra Online - Danos Oxidativos e Neurodegeneração na Conexão entre Diabetes Tipo 2 e Doença de Alzheimer	Dra. Jéssica Elles Barbosa de Freitas Lima

Programação Científica

Dia 22/03/2025

Local/ Horário	Atividade	Ministrante
UFDFPar / 09:00 às 12:00	Minicurso - Drosophila melanogaster no Estudo de Novos Alvos Terapêuticos para o Câncer	Me. Antonio Joaquim de Souza Castro
UFDFPar / 14:00 às 16:00	Mesa Redonda - A Importância da Educação em Genética para o Processo de Inclusão	Esp. Aline Araújo, Esp. Ana Elisa Castello Branco Marques, Esp. Edivaldo Leal Alves Filho
UFDFPar / 16:00 às 17:00	Lançamento Presencial do Livro "Almanaque Dupla Hélice"	Dra. Luciana Rocha Faustino
UFDFPar / 17:00 às 18:00	Encerramento e Premiação	Dra. Luciana Rocha Faustino, Dra. Renata Canalle

Programação Científica

Atividades Extras

Local/ Horário	Atividade	Ministrante
YouTube / Assíncrono	Capacitação Online - Deficiência Intelectual: Aspectos Genéticos - Clínicos	Bel. Natássia Gabriele de França Saraiva
YouTube / Assíncrono	Capacitação Online - Diagnóstico Pré-natal e Pré- implantacional de Doenças Genéticas	Bel. Wendell Moreira de Oliveira
YouTube / Assíncrono	Capacitação Online - Relevância das Variantes Genéticas para a Prática Clínica	Bel. Ivã Sales Magalhães

Premiações

Modalidade Comunicação Oral



"AVALIAÇÃO DO POTENCIAL MUTAGÊNICO E ANTIMUTAGÊNICO DO HÍBRIDO DE CHALCONA-SULFONAMIDA 99 NO MODELO DE *Drosophila melanogaster*"

Jayane Da Silva Sousa, Jessica Maria Teles Souza, Caridad Noda Pérez, Mirian Rita Carrilho de Castro, José Delano Barreto Marinho Filho, Ana Jersia Araujo



"ANÁLISE SOCIOESPACIAL E TEMPORAL DA MORTALIDADE NEONATAL POR ANOMALIAS CROMOSSÔMICAS EM PERNAMBUCO DE 2012 A 2022: UM ESTUDO ECOLÓGICO"

Marco Antônio dos Santos Dourado, Laissa Vitória de Slquiera Riberiro, Vanessa Poleana Silva



"SAINDO FORA DA CAIXA: O POLIMORFISMO SLC6A3 3'-UTR VNTR PODE MODULAR A REGULAÇÃO DO SONO?"

Bianca Maria de Oliveira Sousa, Victor Hugo do Vale Bastos, Giovanny Rebouças Pinto, Aline Miranda da Conceição, France Keiko Nascimento Yoshioka, Francisco Victor Costa Marinho

Premiações

Modalidade Banner



“GENÉTICA E INTELIGÊNCIA ARTIFICIAL: A INTERSEÇÃO ENTRE O CÓDIGO DA VIDA E ALGORITMOS TECNOLÓGICOS”

Benjamin de Sousa Oliveira, Benedito dos Santos Alves, Gabriel da Silva Brito, Bianca Maria de Oliveira Sousa, Giovanny Rebouças Pinto



“EPIDEMIOLOGIA DO CÂNCER DE CÓLON NO PIAUÍ”

Glória Maria de Freitas Sousa, Wesley Da Silva Souza



“A IMPORTÂNCIA DOS BIOMARCADORES NA DETECÇÃO PRECOCE DO CÂNCER DE MAMA: UMA REVISÃO INTEGRATIVA”

Laiza Tailane Santana de Castro, Rikelly Martins dos Reis, Nayane Siqueira Oliveira, Bianca Sáilan Ricardo Custodio Ferreira, Nikaelly Brandão Barbosa, Jairla Machado Lopes, Fábio José Nascimento Motta

Premiações

Modalidade Online



“FLAVONOIDE LUTEOLINA COMO AGENTE ANTI-TUMORAL NO ÂMBITO TERAPÊUTICO DO CÂNCER”

Marina Nascimento Vêras, Benjamin de Sousa Oliveira, Benedito dos Santos Alves, Bruna Silva do Nascimento, Romério de Oliveira Lima Filho



“ASPECTO GENÉTICO DA NEOPLASIA MIELODISPLÁSICA COM DEL(5q) ISOLADA”

João Vitor Alves Dos Santos



“IDENTIFICAÇÃO DE CLUSTERS GÊNICOS DE BACTÉRIAS ASSOCIADAS À COINFECÇÃO DE PACIENTES COM SARS-COV-2”

Marcos Davi De Sousa Campos, Amanda Macedo Lima, William Matheus Coelho Rodrigues, José Isaias Pimentel Barros, Anna Letícia Silva Da Costa, Nathália Silva Batista

Resumos Apresentados



Congresso de
Genética Médica
do Delta do Parnaíba



ÁREA TEMÁTICA: ONCOLOGIA

A IMPORTÂNCIA DOS BIOMARCADORES NA DETECÇÃO PRECOCE DO CÂNCER DE MAMA: UMA REVISÃO INTEGRATIVA.

Laiza Tailane Santana de Castro¹; Rikelly Martins dos Reis¹; Nayane Siqueira Oliveira¹; Bianca Sáilan Custódio Ferreira¹; Nikaely Brandão Barbosa¹; Jairla Machado Lopes¹; Fábio José Nascimento Motta²

¹Graduando em Biomedicina pela Universidade Federal do Delta do Parnaíba - UFDPAr, PI, Brasil;

²Docente orientador do Curso de Biomedicina da UFDPAr, PI, Brasil.

Modalidade de apresentação: Comunicação Oral.

E-mail: laizacastro@ufdpar.edu.br

Introdução: O câncer de mama é o tipo mais prevalente entre mulheres, com uma taxa de incidência de 41,89 casos por 100.000 mulheres no Brasil, representando um desafio para a saúde pública. A detecção precoce é essencial, pois está associada a melhores prognósticos e maior sucesso no tratamento. Os biomarcadores, que refletem alterações moleculares no organismo, são uma abordagem promissora, permitindo diagnósticos precoces e personalizados. No entanto, a implementação clínica desses biomarcadores enfrenta desafios, como a padronização dos métodos e a validação científica de sua eficácia. **Objetivo:** O objetivo deste estudo é analisar a relevância dos biomarcadores na detecção precoce do câncer de mama, focando em sua eficácia e aplicabilidade clínica. **Métodos:** A pesquisa é uma revisão integrativa descritiva retrospectiva sobre o papel dos biomarcadores na detecção precoce do câncer de mama, realizada nas bases SciELO e PubMed em 2025. Utilizou-se a estratégia PICo, definindo a população como indivíduos com câncer de mama, o fenômeno de interesse como biomarcadores, e o contexto como a detecção precoce. Foram realizadas buscas com descritores como "biomarcador", "detecção precoce de câncer" e "câncer de mama", entre 2019 e 2025. Encontraram-se 418 artigos na SciELO e 18 na PubMed, com critérios de inclusão como disponibilidade do artigo na íntegra e foco na relação entre biomarcadores e detecção precoce do câncer de mama. **Resultados ou Análise Crítica:** Após a aplicação dos critérios de inclusão e exclusão, foram selecionados 19 artigos para leitura completa, com o objetivo de verificar se atendiam à questão norteadora. A amostra final consistiu em 18 estudos, os quais foram organizados em um Quadro de Caracterização, contendo: identificação do estudo, autores, ano de publicação, população da pesquisa, critérios de inclusão e exclusão, além dos principais resultados e conclusões. **Conclusão:** A análise realizada confirma a relevância dos biomarcadores na detecção precoce do câncer de mama, evidenciando sua eficácia em aprimorar o diagnóstico e possibilitar intervenções mais assertivas. Os estudos revisados demonstraram que, embora existam desafios para a implementação clínica, como a necessidade de padronização e validação, os biomarcadores representam uma abordagem promissora para a personalização do cuidado e a melhoria dos desfechos terapêuticos. Dessa forma, a pesquisa reforça a importância de continuar investindo em estratégias que viabilizem a aplicação clínica desses biomarcadores, impulsionando avanços na detecção precoce e no tratamento do câncer de mama.

Palavras-chave: Biomarcadores; Diagnóstico; Câncer.



Congresso de
Genética Médica
do Delta do Parnaíba



ÁREA TEMÁTICA: BIOLOGIA MOLECULAR E GENÉTICA

A TECNOLOGIA DO MICRORNA COMO BIOMARCADOR DO CÂNCER DE MAMA: UMA REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

Ana Beatriz Mendes Mousinho¹; Giovanna Carvalho Ramos¹; Cândida Campelo Batista²

¹Graduanda em Enfermagem pela Universidade Federal do Maranhão - UFMA, MA, Brasil; ²Mestre em Biociências Aplicadas à Saúde pela Universidade CEUMA, MA, Brasil.

Modalidade de apresentação: Online.

E-mail: ana.mousinho@discente.ufma.br

Introdução: O estudo dos Micro Rnas tem ganhado enfoque nos últimos anos, em especial após o Prêmio Nobel de Medicina laurear dois pesquisadores que estudavam a funcionalidade dessas moléculas. Com efeito, os micromas são pequenas moléculas não codificantes de Ácido Ribonucleico que contém de 17 a 25 nucleotídeos, atuando como reguladores da expressão gênica e, com isso, são responsáveis por algumas condições fisiológicas e patológicas. Devido à sua estabilidade em fluidos biológicos e sua capacidade de refletir alterações moleculares associadas à progressão tumoral, os miRNAs emergem como ferramentas promissoras na Oncologia. Com isso, estuda-se o seu potencial como biomarcadores de diversos tipos de cânceres, incluindo o câncer de mama. **Objetivo:** O objetivo dessa revisão bibliográfica é entender os mecanismos de regulação do microrna e como estes podem funcionar como biomarcadores no câncer de mama. **Métodos:** Fez-se uma busca criteriosa nos bancos de dados PubMed, Scopus e Scielo, utilizando-se as palavras “microrna”, “breast cancer” e “biomarkers”. Separou-se 10 artigos mais relevantes acerca dessa temática. Após crivo, separou-se os 5 artigos considerados mais promissores sobre o tema e foi feita a revisão bibliográfica. **Resultados ou Análise Crítica:** miRNA são micromoléculas não codificantes de RNA, que contém cerca de 17 a 25 nucleotídeos. Sua composição estável, em especial frente a enzimas como a RNase, juntamente com sua elevada especificidade tecidual e sistêmica, possibilita que possa ser encontrado no sangue e em fluidos corporais. Além disso, sua expressão anômala em diversos tipos de tumores, oportuniza sua utilização como biomarcadores diagnósticos e prognósticos de doenças como o câncer, bem como a predição de sua terapia. Outrossim, os miRNA circulante, espécie de micro RNA que circulam em fluidos biológicos, permite a comunicação célula-célula, que desempenha papel fundamental na progressão de doenças. Nesse cenário, perfis decorrentes têm sido observados na progressão e desenvolvimento do câncer de mama, além disso, alguns dados levantados apontam que os miRNAs atuam como moduladores da expressão genética no C.A, o que os deixam como candidatos a biomarcadores. Dessa forma, o miRNA-21 que, além de funcionar como biomarcador de diagnóstico, possui também um valor prognóstico, uma vez que sua alta expressão está relacionada com o maior risco de recorrência em pacientes com CA de mama. **Conclusão:** Conclui-se que a sua presença no sangue e em fluidos biológicos, bem como sua especificidade, permite que possam ser tidos como biomarcadores. Nesse sentido, no câncer de mama, a expressão anômala de miRNAs, evidencia seu papel na progressão tumoral e na regulação da expressão gênica, o que revela a possibilidade de tê-los como biomarcadores.

Palavras-chave: MicroRna; Biomarcadores; Câncer de Mama.



Congresso de
Genética Médica
do Delta do Parnaíba



ÁREA TEMÁTICA: GENÉTICA MÉDICA

ANOMALIAS CONGÊNITAS EM PARNAÍBA - PI: PERFIL DE PREVALÊNCIA, MORTALIDADE E FATORES ASSOCIADOS NO PERÍODO DE 2018 A 2023

Gabriel Talles Magalhães Ferreira¹; Victor Augusto Vieira Lopes¹; Renata Canalle²

¹Graduando em Biomedicina pela Universidade Federal do Delta do Parnaíba - UFDPar, PI, Brasil; ²Docente orientador do Curso de Biomedicina da UFDPar, PI, Brasil.

Modalidade de apresentação: Online

E-mail: gabrieltalles@ufdpar.edu.br

Introdução: Malformação congênita, também conhecida como anomalia congênita ou doença congênita, é uma alteração estrutural ou funcional que ocorre no feto durante a gestação, sendo possível serem identificadas no pré-natal, ao nascer, ou mais tardiamente na infância. Segundo dados do Ministério da Saúde disposto no Sistema de Informação sobre Mortalidade (SIM), dos 31.856 casos de óbito infantil registrados no Brasil em 2021, aproximadamente 23,22% estão relacionados ao capítulo XVII do CID-10 que dispõe sobre malformações congênitas, deformidades e anomalias cromossômicas. No Piauí os números são concordantes, uma vez que apresenta os mesmos 23,22% dos óbitos infantis em 2021 relacionados a algum tipo de malformação congênita disposta no CID-10. O peso estatístico das anomalias congênitas, associado à etiologia ainda pouco conhecida, demonstra a necessidade de maiores investigações. Estima-se que por volta de 50% das anomalias congênitas poderiam ser prevenidas mediante simples medidas. Estas medidas são tanto de cunho individual, quanto coletivo. **Objetivo:** O presente estudo tem como objetivo investigar o perfil de prevalência e os fatores associados aos óbitos fetais e infantis por anomalias congênitas no município de Parnaíba - PI, no período de 2018 a 2023. **Métodos:** O presente trabalho constitui uma pesquisa experimental quantitativa, descritiva, transversal, permitindo o levantamento simultâneo dos casos, das variáveis envolvidas e associação destas, avaliando os dados retrospectiva e prospectivamente. O levantamento das informações sobre mortalidade deste trabalho foi através de dados secundários do Sistema de Informações de Mortalidade (SIM), disponibilizado pela Secretaria de Saúde de Parnaíba - PI e divididos em classes de acordo com o CID descrito na Seleção da Causa Básica na Declaração de Óbito (DO). Sendo essas: Sistema neurológico, Sistema cardiovascular, Sistema musculoesquelético, Sistema urogenital, Sistema pulmonar, Aparelho digestivo e orofacial, Síndromes e Anomalias múltiplas. Investigando a relação de variáveis como: idade dos pais, idade gestacional, número de gestações, existência de abortos espontâneos e/ou induzidos, outros filhos com malformações congênitas e na família, história de natimortos, morte em relação ao parto, escolaridade da mãe, etnia da mãe, tipo de gravidez, tipo de parto, sexo do recém-nascido, Apgar 5º minuto, etnia do recém-nascido e peso ao nascer. **Resultados ou Análise Crítica:** No período de 2018 a 2023, ocorreram 57 óbitos relatados no município de Parnaíba - PI, proveniente de anomalias congênitas, conforme o capítulo XVII da CID 10, dentro destes a maioria com morte depois do parto, etnia preta do recém nascido e escolaridade da mãe até o fundamental II. A subnotificação e inabilidade de identificação de malformações congênitas nas unidades de saúde devem ser consideradas neste número. Por tal motivo, foram também contabilizados os casos de Morte Fetal de

Causa Não Especificada (CID - P95), totalizando 31 casos no mesmo período. **Conclusão:** Em suma, conclui-se que o estudo e a divulgação de dados relacionados às malformações congênicas é de maior importância, tanto no município de Parnaíba - Pi quanto em todos os outros brasileiros, a fim de entender o perfil de prevalência específica do lugar e divulgar medidas de prevenções de acordo.

Palavras-chave: Malformações Congênicas; Mortalidade Infantil; Parnaíba - PI.



ÁREA TEMÁTICA: BIOLOGIA MOLECULAR E GENÉTICA

**ANÁLISE BIOINFORMÁTICA DE BGCS NA BIOSÍNTESE DE
MICOTOXINAS EM FUNGOS CONTAMINANTES DE ALIMENTOS**

José Isaías Pimentel Barros¹; Anna Letícia Silva da Costa²; Nathália Silva Batista²; Marcos Davi de Sousa Campos³; Amanda Macedo Lima³; William Matheus Coelho Rodrigues³; Leonardo Teixeira Dall'Agnol⁴

¹Pós-graduando em Saúde e Ambiente pela Universidade Federal do Maranhão - UFMA, MA, Brasil;

²Pós-graduando em Ciência e Tecnologia Ambiental pela Universidade Federal do Maranhão - UFMA, MA, Brasil;

³Graduando em Ciências Biológicas pela Universidade Federal do Maranhão - UFMA, MA, Brasil;

⁴Docente Orientador do Curso de Ciências Biológicas da UFMA, MA, Brasil.

Modalidade de apresentação: Online

E-mail: jose.isaias@discente.ufma.br

Introdução: Os fungos representam um desafio significativo para a segurança alimentar devido à produção de micotoxinas, metabólitos secundários tóxicos que podem contaminar diversos alimentos. A contaminação pode ocorrer tanto no campo, pelo crescimento direto dos fungos nas culturas, quanto durante o processamento, armazenamento ou transporte, por meio de contaminação cruzada. Fatores ambientais, como temperatura, umidade e condições físicas, influenciam a produção de micotoxinas.

Objetivo: Identificar e caracterizar clusters gênicos envolvidos na biossíntese de micotoxinas em seis cepas fúngicas associadas à contaminação de alimentos, utilizando ferramentas de bioinformática.

Métodos: Os genomas das linhagens estudadas foram obtidos no formato GenBank a partir do NCBI, correspondendo a seis cepas relacionadas à contaminação de alimentos. Os genomas de referência utilizados foram: *Aspergillus flavus* NRRL3357 (GCA_014117465.1), *Penicillium expansum* (GCA_000769745.1), *Fusarium graminearum* (GCA_000240135.3), *Rhizopus stolonifer* (GCA_003325415.1), *Saccharomyces cerevisiae* S288C (GCA_000146045.2) e *Candida tropicalis* (GCA_000006335.3). A identificação dos agrupamentos de genes biossintéticos (BGCs) de metabólitos secundários foi realizada com o fungiSMASH v8.0, utilizando os genomas no formato GenBank. Para a análise comparativa dos genomas e identificação de clusters ortólogos, foi utilizado o OrthoVenn3, com os dados no formato FASTA (protein). **Resultados:** Através do AntiSMASH, foram identificados 226 agrupamentos biossintéticos (BGCs), distribuídos entre NRPSs (88), T1PKSs (62), terpenoides (31), RiPPs (18), indóis (12), betalactonas (4), T3PKSs (4), isocianetos (4), NI-sideróforos (2) e NRP-metallóforos (1). *Aspergillus flavus* apresentou 103 BGCs, 91 em *Penicillium expansum*, 19 em *Fusarium graminearum*, seis em *Rhizopus stolonifer*, quatro em *Candida tropicalis* e três *Saccharomyces cerevisiae*. A análise comparativa no OrthoVenn3 identificou 35.471 clusters gênicos associados a 62.612 proteínas, com destaque para: *Aspergillus flavus* (8.280 clusters/12.009 proteínas), *Penicillium expansum* (8.002 clusters/11.060 proteínas), *Fusarium graminearum* (7.179 clusters/13.313 proteínas), *Rhizopus stolonifer* (4.583 clusters/13.974

proteínas), *Candida tropicalis* (3.838 clusters/6.254 proteínas) e *Saccharomyces cerevisiae* (3.589 clusters/6.002 proteínas). Foram identificados 2.016 clusters gênicos compartilhados entre todas as espécies, além de clusters exclusivos em cada uma: *Rhizopus stolonifer* (1.433), *Fusarium graminearum* (282), *Candida tropicalis* (119), *Penicillium expansum* (121), *Aspergillus flavus* (176) e *Saccharomyces cerevisiae* (111). **Conclusão:** A análise dos BGCs revela que *Aspergillus flavus*, *Penicillium expansum* e *Fusarium graminearum* possuem maior diversidade e potencial para produzir metabólitos secundários bioativos. Os principais agrupamentos identificados, NRPS, T1PKS e terpenoides, estão associados à biossíntese de micotoxinas perigosas, como aflatoxinas, patulina e deoxinivalenol, evidenciando o alto risco de contaminação por essas espécies em ambientes agrícolas e alimentares. Esses resultados reforçam a necessidade de monitoramento e controle rigorosos para evitar contaminações.

Palavras-chaves: Genômica; Segurança alimentar; Toxinas fúngicas.



Congresso de
Genética Médica
do Delta do Parnaíba



ÁREA TEMÁTICA: EPIDEMIOLOGIA E SAÚDE PÚBLICA

ANÁLISE ESPACIAL E TEMPORAL DA MORTALIDADE POR CÂNCER DE PRÓSTATA NO MARANHÃO DE 2013 A 2023: UM ESTUDO ECOLÓGICO

Julio Cesar Fernandes de Aquino¹; Marco Antonio dos Santos Dourado²; Luciana Rocha Faustino³

¹Graduando em Fisioterapia pela Universidade Federal do Delta do Parnaíba - UFDPAr, PI, Brasil;

²Graduando em Enfermagem pela Universidade Estadual do Piauí; ³Docente orientador do Curso de Medicina da UFDPAr, PI, Brasil.

Modalidade de apresentação: Comunicação Oral

E-mail: julio.aquino@ufpi.edu.br

Introdução: O câncer de próstata, no Brasil, é o segundo mais comum em homens. Conforme o INCA, em 2021 foram registradas 16.300 mortes pela doença. Especificamente, no estado do Maranhão, a taxa de incidência desse tipo de câncer deve chegar a 56,47 a cada 100 mil homens até 2025. Acredita-se que esse quadro é atravessado por diversos fatores, no entanto, existem poucos estudos epidemiológicos sobre o assunto, sobretudo relacionados às taxas de mortalidade. **Objetivo:** Delinear o perfil epidemiológico e socioespacial, bem como a distribuição espaço-temporal dos óbitos por câncer de próstata ocorridos no estado do Maranhão, no período de 2013 a 2023. **Métodos:** A presente pesquisa é quantitativa e ecológica, na qual foram utilizados dados secundários coletados no DataSUS, via TabNet, com base na categoria CID-10, para a coleta das variáveis relacionadas ao perfil epidemiológico da população masculina, sendo analisado o Câncer de próstata (C61). Para a análise espacial, a elaboração dos mapas e o cálculo das taxas de mortalidade foi utilizado o software Tabwin versão 4.15. A análise temporal foi realizada no programa Microsoft Excel, no qual foi construído um gráfico com tendência linear em que foi calculado o valor da regressão linear simples (R^2). **Resultados ou Análise Crítica:** Foram registrados 4.146 óbitos por câncer de próstata no Maranhão no período observado. As características mais prevalentes dentro da população analisada foram: pardos, 80 anos ou mais, sem nenhuma escolaridade, casados e a maior parte das ocorrências foram acometidas no ambiente domiciliar. A maior parte dos óbitos ocorreram na 15ª Região São João dos Patos e na 10ª Região Pedreiras. A maior taxa de mortalidade foi no município de Lago dos Rodrigues com 104,19 óbitos por 100.000 habitantes. A taxa de mortalidade média foi de 7,39 óbitos por 100.000 habitantes, possuindo uma tendência linear de crescimento ($R^2=0,2993$). O avanço gradual da incidência dessa neoplasia maligna tem caráter multifatorial, dentre os quais destacam-se o aumento da expectativa de vida, campanhas de incentivo à prevenção e rastreamento da doença, bem como hábitos alimentares e influências ambientais. **Conclusão:** Em suma, a análise dos dados sobre mortalidade por câncer de próstata no Maranhão revela um cenário preocupante, com uma alta incidência de óbitos entre homens negros, idosos e com baixo nível de escolaridade. Esses resultados são coerentes com estudos anteriores que destacam a relação entre fatores socioeconômicos e a mortalidade pela doença. Sendo fundamental a implementação de estratégias de prevenção, rastreamento e tratamento adequado para reduzir a mortalidade por câncer de próstata no estado.

Palavras-chave: Câncer de próstata; Carcinogênese; Epidemiologia.



Congresso de
Genética Médica
do Delta do Parnaíba



ÁREA TEMÁTICA: EPIDEMIOLOGIA E SAÚDE PÚBLICA

**ANÁLISE SOCIOESPACIAL E TEMPORAL DA MORTALIDADE
NEONATAL POR ANOMALIAS CROMOSSÔMICAS EM PERNAMBUCO
DE 2012 A 2022: UM ESTUDO ECOLÓGICO.**

Marco Antonio dos Santos Dourado¹; Laissa Vitória de Siqueira Ribeiro¹; Vanessa Poleana Silva²

¹Graduandos em Enfermagem pela Universidade Estadual do Piauí - UESPI, PI, Brasil; ²Doutoranda em Ciências Biomédicas pela Universidade Federal do Delta do Parnaíba - UFDPar, PI, Brasil.

Modalidade de apresentação: Comunicação Oral

E-mail: marcoantoniodossdourado@aluno.uespi.br

Introdução: As anomalias cromossômicas são erros quantitativos ou estruturais associadas a esses cromossomos que estão presentes no interior das células, sendo responsáveis pelo abrigo dos genes de uma pessoa. As mais prevalentes são as numéricas, havendo um maior número de casos nas trissomias, que são a presença de uma cópia a mais, nos cromossomos 13, 18 e 21, Patau, Edward e Down. O DATASUS aponta que somente na década de 2020 houveram 898 mortes neonatais por trissomias, sendo a região nordeste a 3ª região com maior número de óbitos por essas condições, evidenciando a necessidade de estudos epidemiológicos para criação de medidas de controle.

Objetivo: Descrever o perfil epidemiológico, sociocultural e o padrão socioespacial e temporal dos óbitos por trissomias em neonatos no estado de Pernambuco, no período de 2012 a 2022. **Métodos:** O presente estudo é do tipo quantitativo, exploratório e ecológico, utilizando dados secundários oriundos do DataSUS, coletando as informações presentes no TabNet acerca da mortalidade com base nas categorias CID-10, para coleta de dados sobre óbitos neonatais para Síndrome de Down, Síndrome de Edwards e de Patau e outras trissomias totais ou parciais, não classificadas em outra parte (NCOP), no período de 2012 a 2022 no estado de Pernambuco. Para análise descritiva, foi utilizado estatística univariada, para elaboração das taxas de prevalência, além de ser usado o software TabWin 4.1.5 para construção dos mapas, para análise temporal e desenvolvimento do teste de normalidade Kolmogorov-Smirnov e de correlação de Pearson e Spearman foi utilizado o software Excel. **Resultados ou Análise Crítica:** Foram registrados 161 óbitos por neonatos no período analisado. A maior proporção de óbitos neonatais eram do sexo masculino, pardos, prematuros e com baixo peso ao nascer. Das características maternas, a maior parte delas possuem 35 a 39 anos, 8 a 11 anos de estudo e tiveram o parto do tipo cesáreo. A taxa de mortalidade média por trissomias no período e população estudados é de 1,18 óbitos por 100.000 habitantes, possuindo tendência linear de crescimento dos óbitos ao longo dos 11 anos investigados ($R^2 = 0,1984$). Verificou-se que as regiões de saúde com maior número de óbitos são: 10ª Região Recife (n=140), prevalecendo na capital Recife, e 9ª Região Petrolina (n=10), sendo Petrolina a cidade com maior número de mortes. A maior prevalência de prematuridade na população estudada foi no ano de 2020 (0,15) e a de baixo peso ao nascer em 2016 (0,09). O teste de normalidade indicou distribuição normal para a taxa de prematuridade e não-normal para baixo peso ao nascer. Os testes de correlação indicaram ser forte e positivo para prematuridade e fraco ou inexistente para baixo peso ao nascer. **Conclusão:** Os dados apontam altos números de mortalidade por neonatos pardos e com prematuridade, além de estarem

inseridos em regiões com taxa de desemprego alta e renda próxima a pobreza, evidenciando a necessidade de criação de ações para mitigar o número de óbitos e prevenir o aumento desse quadro.

Palavras-chave: Trissomia; Epidemiologia; Recém-Nascido.



ÁREA TEMÁTICA: BIOLOGIA MOLECULAR E GENÉTICA

APLICAÇÃO DA METAGENÔMICA NA DETECÇÃO DE PATÓGENOS
PRESENTES EM DIFERENTES MICROBIOMAS

Amanda Macedo Lima¹; William Matheus Coelho Rodrigues¹; Marcos Davi de Sousa Campos¹;
José Isaías Pimentel Barros²; Hivana Patrícia Melo Barbosa Dall'Agnol³.

¹Graduando em Ciências Biológicas pela Universidade Federal do Maranhão - UFMA, MA, Brasil;

²Pós-graduando em Saúde e Ambiente pela Universidade Federal do Maranhão - UFMA, MA, Brasil;

³Docente orientador do curso de Ciências Biológicas da UFMA, MA, Brasil.

Modalidade de apresentação: Online

E-mail: amanda.ml@discente.ufma.br

Introdução: A metagenômica tem transformado a microbiologia ao permitir que cientistas analisem diretamente o material genético de comunidades microbianas sem necessidade de cultivá-las, viabilizando a identificação de patógenos, detecção de genes de resistência a antibióticos e compreensão da microbiota em diferentes ambientes. Paralelamente, métodos como o sequenciamento *Shotgun*, que fragmenta longas fitas de DNA para posterior reconstrução, e a análise do gene 16S rRNA por PCR ajudam a explorar a composição do microbioma, relacionando suas alterações a diversas patologias, desde infecções até distúrbios neurodegenerativos. Além disso, a metagenômica contribui para o estudo de contaminação em águas residuais, auxiliando na mitigação de riscos relacionados à saúde coletiva. **Objetivo:** Revisar a aplicação da metagenômica na identificação de patógenos e genes de resistência antimicrobiana em diferentes contextos, com ênfase na microbiota intestinal de pacientes com doenças específicas e em ambientes aquáticos. **Métodos:** Foi conduzida uma revisão integrativa da literatura na base de dados *PubMed*, utilizando os descritores '*metagenomic*', '*illness*' e '*molecular biology*', sendo selecionados artigos publicados entre 2020 e 2025, disponíveis de forma gratuita e em inglês. Foram incluídos apenas estudos que abordaram a metagenômica como metodologia principal para a identificação de patógenos ou genes de resistência antimicrobiana, enquanto aqueles que não aplicaram essa abordagem, como revisões, estudos de casos e pesquisas sem dados quantitativos significativos não foram incluídos. **Resultados:** A revisão conduzida, que teve início com 29 artigos iniciais, delineou a seleção de 8 estudos relevantes com relação ao tema descrito, confirmando a eficácia da metagenômica na identificação de organismos associados a doenças e ao ambiente. Com o uso da técnica de sequenciamento *Shotgun*, já foi possível identificar a presença de patógenos oportunistas em crianças portadoras do vírus HIV, entre eles patógenos que causam infecções na pele, sendo o *Streptococcus suis* o mais comum. Em relação às doenças neurodegenerativas, a mesma metodologia metagenômica também já foi capaz de investigar a influência da microbiota intestinal no desenvolvimento da Doença de Parkinson, onde foi identificado um aumento significativo na produção de homocisteína e outros metabólitos, resultando, consequentemente, no agravamento da patologia. No monitoramento ambiental, o uso direcionado do *Shotgun* demonstrou maior eficiência na detecção de uma ampla diversidade de microrganismos das amostras de água tratada e não-tratada, como *Pseudomonas* e *Actinobacteria*, ressaltando que as estações de tratamento de esgoto desempenham um papel essencial na remoção de patógenos e redução da carga de genes de resistência a antibióticos. Já com o sequenciamento do gene

16S rRNA, um estudo revelou variações na composição da microbiota intestinal em pacientes com SARS-CoV-2, observando um crescimento dos gêneros bacterianos *Streptococcus* e *Blautia* em comparação com pacientes saudáveis, indicando uma mudança associada ao aumento da infecção pelo vírus. **Conclusão:** A metagenômica tem se mostrado eficaz na identificação de patógenos, como *Streptococcus suis* em crianças com HIV, e na detecção de alterações microbianas em doenças como Parkinson e COVID-19, além de monitorar microrganismos em águas residuais. Esses achados evidenciam a importância do emprego de técnicas de genômica avançada para mitigar impactos na saúde humana e no meio ambiente.

Palavras-chave: Diagnóstico molecular; Saúde Humana; Patologia.



Congresso de
Genética Médica
do Delta do Parnaíba



ÁREA TEMÁTICA: GENÉTICA MÉDICA

ASPECTO GENÉTICO DA NEOPLASIA MIELODISPLÁSICA COM DEL(5q) ISOLADA

João Vitor Alves dos Santos¹; Andressa Megumi Niwa²

¹Graduando em Biomedicina pelo Centro Universitário Filadélfia - UniFil, PR, Brasil; ²Docente orientador do Curso de Biomedicina da UniFil, PR, Brasil.

Modalidade de apresentação: Online

E-mail: joaovitor.santos@edu.unifil.br

Introdução: As neoplasias mielodisplásicas (SMD) são um grupo heterogêneo de doenças malignas que acometem as células troncos hematopoiéticas caracterizadas por displasia e citopenias periféricas. Os idosos são o grupo mais afetado com uma prevalência em 10% acima dos 80 anos. Quase metade dos pacientes apresentam alguma alteração cromossômica no início do diagnóstico e mais de 90% carregam pelo menos uma mutação somática. A neoplasia mielodisplásica com del(5q) isolada (SMD-5q) é o único subtipo definido claramente por uma alteração cromossômica na classificação da Organização Mundial de Saúde (OMS) e geralmente os pacientes apresentam anemia refratária com contagem de leucócitos normal ou baixa e plaqueta normal ou ligeiramente elevada. A del(5q) é a anormalidade citogenética mais prevalente, sendo observada em mais de 20% dos casos. Acredita-se que cerca de 5% desses casos sejam enquadrados como SMD-5q. **Objetivo:** Buscou compreender a nível molecular a deleção 5q, bem como definir o padrão mutacional recorrentemente associado a SMD-5q. **Métodos:** O presente trabalho foi realizado através de uma revisão bibliográfica nos bancos de dados PubMed e SciELO por meio de uma estratégia de busca dos artigos relacionados ao tema com preferência aos trabalhos publicados nos últimos dez anos. Utilizou como descritores as palavras-chave “síndromes mielodisplásicas” e “deleção 5q”. **Resultados ou Análise Crítica:** A deleção 5q corresponde a uma deleção intersticial que acomete duas “regiões comumente deletadas” (CDR) associadas ao fenótipo da SMD com del(5q) isolada. Uma deleção mais proximal em 5q31 com cerca de 1,9 Mb e uma deleção distal entre 5q32-5q33 com 1,5 Mb. A deleção distal é descrita como uma região crítica e originalmente associada a SMD-5q, enquanto a deleção proximal é associada a outros subtipos de SMD e leucemias. A maioria dos pacientes apresentam grandes deleções no cromossomo 5 que abrange as duas CDR. Na região crítica foram identificados 40 genes, sendo 33 expressos nas células hematopoiéticas e potencialmente candidatos à patogênese da doença. Sendo que estudos moleculares apontam a haploinsuficiência alélica como mecanismo para o fenótipo da doença. Além disso, o padrão mutacional geralmente alinhado a del(5q) representa principalmente mutações nos genes SF3B1 (20%), DNMT3A (18%) e TP53 (18%) que impactam no prognóstico da SMD. **Conclusão:** A caracterização da deleção cromossômica na SMD com del(5q) em consonância com conhecimento do ambiente mutacional associado permite uma compreensão mais abrangente do cenário genético da doença, além de reconhecer potenciais genes patogênicos e novas perspectivas de elucidação dos processos biológicos envolvidos na SMD com del(5q) isolada.

Palavras-chave: Neoplasias Mielodisplásicas; Deleção 5q; Mutação



Congresso de
Genética Médica
do Delta do Parnaíba



ÁREA TEMÁTICA: FARMACOGENÉTICA

AVALIAÇÃO DO POTENCIAL MUTAGÊNICO E ANTIMUTAGÊNICO DO HÍBRIDO DE CHALCONA-SULFONAMIDA 99 NO MODELO DE *Drosophila melanogaster*.

Jayane da Silva Sousa¹; Jéssica Maria Teles Souza²; Caridad Noda Pérez³; Mirian Rita Carrilho de Castro³; José Delano Barreto Marinho Filho⁴; Ana Jérsia Araújo⁵

¹Graduanda em Biomedicina pela Universidade Federal do Delta do Parnaíba - UFDPAr, PI, Brasil;

²Doutoranda pelo PPGBIOTEC - Universidade Federal do Delta do Parnaíba - UFDPAr; ³Doutora pela Universidade Federal de Goiás - UFG, GO, Brasil; ⁴Docente do Curso de Medicina da UFDPAr, PI, Brasil;

⁵Docente orientada do Curso de Medicina da UFDPAr, PI, Brasil.

Modalidade de apresentação: Online

E-mail: jayanesousa22@gmail.com

Introdução: As chalconas surgem como compostos promissores devido à sua estrutura química simples e modular, permitindo a propriedade de análogos com potencial terapêutico ampliado. Assim, a hibridização molecular dessa substância tem se mostrado uma estratégia eficaz para melhorar suas propriedades farmacológicas. Nesse contexto, os híbridos de chalcona-sulfonamida têm sido obtidos com sucesso e chamam atenção pelo seu amplo espectro de propriedades biológicas, especialmente como potencial anticâncer, dado estudos prévios pelo grupo de pesquisa que apresentaram relevantes resultados para a citotoxicidade em diferentes linhagens de câncer. Dessa forma, a chalcona-sulfonamida 99 (HCS99) destaca-se como um candidato promissor, requerendo uma caracterização aprofundada de seu perfil genotóxico, considerando a avaliação da mutagenicidade uma etapa essencial no desenvolvimento de novos medicamentos, uma vez que alterações no DNA podem comprometer a estabilidade celular e levar à carcinogênese. Assim, entre os testes para genotoxicidade disponíveis, o Teste de Mutação e Recombinação Somática (SMART) em *Drosophila melanogaster* destaca-se por sua eficiência e rapidez, sendo uma alternativa viável aos modelos em mamíferos, dispensando a exigência da aprovação ética. **Objetivo:** Avaliar o potencial mutagênico e antimutagênico do híbrido de chalcona-sulfonamida 99 (HCS99) em células somáticas de *D. melanogaster*. **Métodos:** A HCS99 foi sintetizada via condensação de Claisen-Schmidt. As linhagens-estoque de *D. melanogaster* foram mantidas em meio de cultura específico, sendo utilizadas três linhagens portadoras dos marcadores genéticos *mwh*, *flr³* e *ORR-flr³*. Então, foram realizados os cruzamentos para obtenção dos descendentes trans-heterozigotos (*mwh+/flr³+*), utilizados para avaliação genotóxica. O teste foi conduzido em larvas de 72 horas expostas a somente HCS99 isolada e associada à doxorubicina. Após completar o ciclo de vida, os indivíduos adultos foram coletados e preservados em etanol 70%. As asas de fenótipo selvagem foram utilizadas na montagem de lâminas, que foram posteriormente analisadas por microscopia óptica para quantificação das manchas mutagênicas. **Resultados ou Análise Crítica:** O princípio do SMART consiste em utilizar o modelo de *Drosophila melanogaster* para observar mutação/recombinação apresentadas nas asas. Dessa forma, durante o desenvolvimento larval ocorrem as divisões que as tornam vulneráveis a mudanças genéticas por mutagênicos, levando à formação de manchas fenotípicas classificadas como simples (único fenótipo mutante) e gêmeas (dois fenótipos mutantes).

O tamanho das manchas aponta quando a mutação ocorreu, pequenas para mutações tardias e grandes para mutações precoces. Neste estudo, verificou-se que não houve alteração significativa da frequência de nenhum dos tipos de manchas analisadas, sugerindo que as concentrações testadas de HCS99 não provocam efeitos genotóxicos. O tratamento associado à Doxorubicina comprovou aumento da frequência de manchas em todas as concentrações, indicando que o composto não possui efeito protetor. **Conclusão:** De acordo com a literatura, o biocomposto apresenta um elevado potencial, onde aliado a sua não mutagenicidade o torna um importante candidato para fármaco, visto sua capacidade de não provocar danos ao DNA e assim ser seletivo, também concluiu-se que a HCS99 não sofre metabolização pela enzima CYP450. Portanto, esses achados fornecem indícios relevantes sobre mecanismos mutagênicos associados à HCS99, promovendo a compreensão de seus efeitos biológicos e indicativo para mais estudos acerca desse composto.

Palavras-chave: Chalcona-Sulfonamida; Teste SMART; Genotoxicidade.



Congresso de
Genética Médica
do Delta do Parnaíba



ÁREA TEMÁTICA: BIOLOGIA MOLECULAR E GENÉTICA

CONEXÃO LIAGEN: A LUDICIDADE DO ENSINO DA GENÉTICA POR MEIO DA PLATAFORMA *INSTAGRAM*.

Manoela Campos¹; Marina Nascimento Veras¹; Victor Augusto Vieira Lopes¹; José Oliveira
Francisco de Oliveira Filho²; Cíntia Martins³

¹Graduando em Biomedicina pela Universidade Federal do Delta do Parnaíba - UFDPAr, PI, Brasil;

¹Graduando em Licenciatura em Ciências Biológicas pela Universidade Federal do Delta do Parnaíba - UFDPAr, PI, Brasil; ³Docente orientadora do Curso de Licenciatura em Ciências Biológicas da UFDPAr, PI, Brasil.

Modalidade de apresentação: Comunicação Oral

E-mail: camposmanoela.v@gmail.com

Introdução: A Genética é uma área que apresenta uma estreita relação com o cotidiano, contudo, por conta dos desafios ligados ao seu ensino, em virtude do aparato conceitual, a variedade de termos científicos, abstração dos conceitos e complexidade dos processos biológicos, se faz necessário buscar alternativas que viabilizem esses conhecimentos ao público geral. O aplicativo Instagram oferece diversas ferramentas para interação com seus usuários, incluindo postagens, curtidas, comentários, e outras, com grande potencial de estabelecer um elo entre a academia e a população. Diante deste cenário, nasceu o projeto de extensão universitário “Conexão LiAgen”. Projeto vinculado à Liga Acadêmica de Genética da Universidade Federal do Delta do Parnaíba, baseia-se em atividades de caráter midiático com enfoque na divulgação científica e ensino da genética.

Objetivo: Objetivamos relatar as principais atividades e aplicações realizadas no projeto “Conexão LiAgen” no período de agosto de 2024 a dezembro de 2024 e sua contribuição no ensino e entendimento da genética para a comunidade acadêmica e externa. **Métodos:** O projeto engloba atividades de divulgação da Genética a partir de quatro atividades principais de postagens na plataforma *Instagram*. 1. Liagen Plus (LP) que confecciona vídeos educativos sobre assuntos do cotidiano que envolvem genética; 2. Liagen Science (LS) que publica notícias de cunho multidisciplinar; 3. Liagen Blog (LB) que englobam diferentes assuntos teóricos sobre genética e 4. Liagen Fun (LF) que produz imagens e vídeos de tom humorístico, abordando temas relacionados à genética. As postagens de LP, LS e LB são realizadas aos sábados, de forma alternada, enquanto o LF é publicado a cada 15 dias. Todo o conteúdo é produzido sob a orientação da docente responsável e, neste relato, descrevemos as análises de engajamento e retributividade do público, considerando o número de visualizações (V), contas alcançadas (CA) e interações midiáticas (NIM), sendo este último definido como a soma de curtidas, comentários e compartilhamentos de cada postagem.

Resultados: Atualmente o Instagram do projeto possui 3.765 seguidores. Foram contabilizadas um total de 23 postagens, onde foi estabelecida a média de 2.113 V, 1.246 CA e 96 NIM para cada publicação. Dentre as atividades, LF destacou-se, possuindo uma somatória de 20.088 V, 12.501 CA e 976 NIM em um total de seis postagens. No que diz respeito aos outros programas, obtivemos algumas postagens destaque, como “Epigenética em X-Men”, “Leucemia: Conexão entre Genética e Hematologia”, “Pelagem dos Gatos: Como é determinada geneticamente?” e “Computador de DNA

Consegue Resolver Sudoku e Jogar Xadrez”, visto que tiveram grande retorno em número de contas alcançadas (CA), em média 1.403 CA. A retributiva do público para cada uma das atividades foram: NIM LiAGen Plus = 477; NIM LiAGen Science = 297, NIM LiAGen Blog = 361. Publicações em destaque LP: “Leucemia: Conexão entre Genética e Hematologia” (171 curtidas , 16 comentários e 15 compartilhamentos); LS: “Peixe Pulmonado com Genoma Maior que dos Humanos, Pode Explicar a Evolução” (54 curtidas, quatro comentários e seis compartilhamentos); LB: “Deriva Genética: Você Conhece Esse Mecanismo Evolutivo?” (88 curtidas e sete comentários e nove compartilhamentos). **Conclusão:** Diante de nossos resultados e conforme visto em trabalhos que utilizaram a rede social como propagadora de conhecimento, esta metodologia de expressão contribui para a disseminação do ensino-aprendizagem. Consideramos que as interações midiáticas nesse projeto certificam o interesse do público para com as temáticas e demonstrando a possibilidade de popularização da genética por meio das ferramentas virtuais, além do engajamento obtido evidenciar a eficácia da abordagem didática do projeto no eixo extensionista, contribuindo para desmistificar temas complexos e promover a inclusão da genética na sociedade.

Palavras-chave: Educação; Conteúdo digital; Linguagem acessível.



Congresso de
Genética Médica
do Delta do Parnaíba



ÁREA TEMÁTICA: EPIDEMIOLOGIA E SAÚDE PÚBLICA

Custos dos Procedimentos Cirúrgicos Para Anomalias Crânio Bucomaxilofaciais no Piauí entre 2020 e 2024: Uma Análise na perspectiva do SUS

Matheus Monteiro Costa¹; Honório Ribeiro dos Santos Neto²; Sheila Elke Araújo Nunes³

¹Graduando em Medicina pela Universidade Estadual da Região Tocantina do Maranhão - UEMASUL, MA, Brasil; ²Graduação em Odontologia pela Universidade Federal do Piauí - UFPI, PI, Brasil; ³Docente orientador, Curso de Ciências Biológicas da UEMASUL, MA, Brasil.

Modalidade de apresentação: Comunicação Oral

E-mail: matheuscosta.20200005102@uemasul.edu.br

Introdução: As anomalias crânio e bucomaxilofaciais são deformidades de origem congênita, com repercussão estético-funcional em todo o sistema estomatognático nos indivíduos acometidos por essa condição, necessitando de acompanhamento, cuidados e tratamento multiprofissional, tanto por diversas especialidades da saúde, como do serviço social. **Objetivo:** Identificar os custos diretos do atendimento cirúrgico de pacientes com fissuras lábio-palatinais. **Métodos:** Trata-se de um estudo de custos de doença, empregando o macrocusteio para os custos médicos diretos, na perspectiva do SUS. A pesquisa em questão analisou os procedimentos de correção cirúrgica de Anomalias Crânio Buco-maxilo faciais entre 2020 e 2024 no estado do Piauí. Os dados utilizados foram extraídos do DATASUS Tabnet, identificando para cada procedimento o número de procedimentos realizado, o custo total e o local de atendimento, discriminados por ano. Os locais de atendimento foram identificados de acordo com as Macrorregiões de Saúde do Piauí: SEMI-ARIDO, MEIO NORTE, LITORAL e CERRADOS, as cidades onde foram realizado os procedimentos e os Hospitais que os efetuaram. A média foi calculada dividindo o valor total declarado para cada procedimento pelo número de procedimentos realizados. **Resultados ou Análise Crítica:** Ao longo do período analisado foram realizados ao todo 384 procedimentos. Além disso, no que diz respeito aos valores entre 2020 e 2024 o Piauí recebeu um montante total de R\$451.443,20, com o custo médio hospitalar de R\$1.175,63. A maioria destes procedimentos (98) foi realizada no ano de 2023 com o valor total de R\$115.991,76; a média anual foi de 76,8 procedimentos por ano com custo anual de R\$90.288,64; porém vale a pena ressaltar que houveram apenas 21 atendimentos em 2020, um valor bem destoante quando comparado aos demais anos o que impactou a média de forma negativa. Apenas três Macrorregiões de saúde realizaram os procedimentos, MEIO NORTE, LITORAL e CERRADOS com maior concentração de procedimentos foi a MEIO-NORTE, onde se localiza a capital, concentrando 97,39% dos atendimentos, em paralelo a Região LITORAL efetuou no período apenas 1 único atendimento. Os procedimentos foram realizados em 4 municípios, mas foram altamente concentrados na cidade de Teresina, com valor total de R\$439.929,39, deste valor a maioria (R\$420.006,81) foi concentrada em um único serviço, o Hospital São Marcos, uma entidade privada. **Conclusão:** O atendimento cirúrgico para as Anomalias Crânio Maxilofaciais no Piauí encontra-se atualmente bem concentrado. A capital do estado (Teresina) responde pela maior oferta do serviço, por meio de um Hospital convênido ao SUS, e consequente concentração de recursos do SUS.

Palavras-chave: Custos Diretos de Serviços; Fissura Palatina.



Congresso de
Genética Médica
do Delta do Parnaíba



ÁREA TEMÁTICA: ONCOLOGIA

EPIDEMIOLOGIA DO CÂNCER DE CÓLON NO PIAUÍ

Glória Maria de Freitas Sousa¹; Wesley da Silva Souza²

¹Graduanda em Biomedicina pela Universidade Federal do Delta do Parnaíba - UFDPAr, PI, Brasil;

²Graduando em Medicina pela Universidade Federal do Delta do Parnaíba - UFDPAr, PI, Brasil.

Modalidade de apresentação: Banner

E-mail: freitasglorinha21@gmail.com

Introdução: O câncer de cólon é uma das neoplasias malignas com maior morbimortalidade no Brasil e no mundo, sendo o terceiro mais prevalente em ambos os sexos, tem origem multifatorial influenciada por fatores ambientais, nutricionais e genéticos. Apesar da maior parte dos casos serem esporádicos, aproximadamente 20% dos casos de câncer de cólon tem apresentação hereditária. Das formas hereditárias, o Câncer Colorretal Hereditário não Polipose (CCHNP) é a mais comum, sendo responsável por 20 – 30% destes, o que equivale a 3% a 5% de todas as neoplasias colorretais.

Objetivo: Caracterizar o perfil epidemiológico do câncer de cólon no Piauí entre os anos de 2020 e 2024. **Métodos:** O estudo utilizou dados do PAINEL ONCOLOGIA-DATASUS referentes a sexo, faixa etária, região de saúde, município de residência, ano do diagnóstico, modalidade terapêutica e estadiamento durante o período de 2020 a 2024. **Resultados ou Análise Crítica:** Durante o período analisado, foram notificados 906 casos de câncer de cólon, dos quais 476 ocorreram em mulheres e 430 em homens. A maior suscetibilidade foi observada em indivíduos entre 55 e 74 anos (53% dos casos). As regiões de saúde mais acometidas foram Entre Rios e Cocais, com 388 e 140 respectivamente, sendo Teresina o município com maior número de casos (35% do total). O ano de maior incidência foi 2023, com 237 casos, seguido de 2024, com 175. A quimioterapia foi a modalidade terapêutica predominante com 443 dos casos, seguida pela cirurgia com 219. Em 26% dos casos, não houve registro de tratamento. A maior parte dos pacientes situavam-se em estágio 3 ou 4 (177 e 166 casos, respectivamente), assim como os casos precoces, 0, 1 e 2, representam 11%, enquanto mais da metade teve o estadiamento ignorado ou não aplicado, 462 casos. Há uma divergência na literatura, que aponta os homens como mais propensos ao desenvolvimento de câncer de cólon. No entanto, na análise epidemiológica realizada, observa-se maior incidência entre mulheres (52% dos casos). O aumento da incidência do câncer de cólon em idades mais avançadas corrobora com a literatura, pois há associação direta entre este câncer e o envelhecimento. A predominância da quimioterapia como modalidade terapêutica principal também corrobora com a literatura existente. A proporção de diagnósticos em estágios avançados (3 ou 4) é preocupante, pois demonstra desafios nas estratégias de rastreamento e diagnóstico precoce da doença no Estado. Ademais, a grande parcela de notificações com estadiamento ignorado ou não aplicado dificulta a elaboração de políticas de saúde eficazes para o enfrentamento da doença no Piauí. O fato do maior número de casos se concentrar na capital Teresina, provavelmente, deve-se à elevada densidade demográfica, assim como fatores socioambientais. **Conclusão:** Os resultados deste estudo demonstram uma prevalência significativa do câncer de cólon no Piauí, ocorrendo principalmente em mulheres com mais de 50 anos, residentes na região Entre Rio, especialmente em Teresina. Entretanto, a elevada quantidade de casos em estágios avançados e a ausência de dados em algumas variáveis são alarmantes, destacando a importância de estratégias que promovam o diagnóstico precoce.

Palavras-chave: Oncologia; Perfil Epidemiológico; Câncer de Cólon.



Congresso de
Genética Médica
do Delta do Parnaíba



ÁREA TEMÁTICA: ONCOLOGIA

FLAVONOIDE LUTEOLINA COMO AGENTE ANTI-TUMORAL NO ÂMBITO TERAPÊUTICO DO CÂNCER

Marina Nascimento Vêras¹; Benjamin De Sousa Oliveira²; Benedito Dos Santos Alves³; Bruna Silva do Nascimento⁴; Romério de Oliveira Lima Filho⁵.

^{1,3}, Graduandos de Biomedicina da Universidade Federal do Delta do Parnaíba, ^{2,4} Graduandos de Ciências Biológicas da Universidade Federal do Delta do Parnaíba, ⁵Mestre em Psicobiologia pela Universidade Federal do Rio Grande do Norte.

Modalidade de apresentação: Online

E-mail: veerasmarina@ufdpar.edu.br

INTRODUÇÃO: O uso de plantas medicinais em doenças complexas tem crescido de forma exponencial. Seus usos são estudados como métodos eficazes na terapêutica e prevenção de doenças, como o câncer. Os flavonoides são compostos fenólicos encontrados em diversos alimentos vegetais, como frutas e grãos. A luteolina é um flavonoide encontrado no amendoim (*Arachis hypogaea* L.), manjerição (*Ocimum basilicum* L.) e outros, que apresenta ação antioxidante e antiinflamatória. Para além desses benefícios, sua ação antitumoral vem sendo alvo de estudo na última década. **OBJETIVO:** Investigar na literatura a ação da luteolina como agente antitumoral eficaz no tratamento oncológico. **METODOLOGIA:** Trata-se de uma revisão bibliográfica realizada nas bases de dados: Pubmed e Web of Science. Os descritores buscados foram “Flavonoids” “Medicinal Plants” “Luteolin” e “Cancer” associados. Não houveram limitações de data ou idioma. **RESULTADOS:** A busca resultou em 97 artigos. 51 artigos foram excluídos após a leitura de título e resumo e nove artigos estavam duplicados. 21 artigos foram excluídos após leitura na íntegra por irrelevância. Ao final, 16 artigos compuseram esta revisão. Identificou-se que a luteolina possui capacidade de inibição de fatores do câncer, como: (i) a proliferação de células de câncer de mama MCF-7 de maneira dependente da dose, (ii) a proliferação de células de mieloma múltiplo e (iii) inibição da enzima monoamina oxidase A, que se relaciona com a iniciação e progressão do câncer. Ademais, a luteolina reduziu a nefrotoxicidade causada pelo quimioterápico cisplatina, exibiu forte atividade contra linhagens celulares de leucemia e linfoma humano e, quando combinada com o ligante indutor de apoptose relacionado ao fator de necrose tumoral (TRAIL), agiu como potencial terapia contra o câncer. Além disso, a luteolina extraída da *Pombalia bicolor* (A.St-Hil.) apresentou citotoxicidade significativa contra células de câncer de cólon humano in vitro e o éter luteolina-7-metilico isolado de folhas de *Blumea balsamifera* (L.) DC apresenta alta citotoxicidade contra linhagens de câncer de pulmão humano. Ainda, esse flavonoide mostrou-se como um fitoquímico multi-alvo contra genes diferentemente expressos no carcinoma cervical, endometrial e vulvar e apresentou interação com proteínas envolvidas nas vias de progressão do câncer – CDK-2 e CCNB. Ademais, a luteolina suprimiu fatores desencadeadores pró-invasivos em células do câncer de mama, especificamente a expressão de MM1 e, quando encontrada na *Lawsonia inermis* L., apresentou atividade anti melanogênica pela supressão da expressão de tirosinase. Por fim, o encapsulamento da luteolina em nanopartículas auxiliou sua ação antitumoral no câncer de mama humano, além de ter promovido um aumento

sinérgico da citotoxicidade contra as células de câncer de colón C26 e inibido significativamente o crescimento celular de células GL261 de glioblastoma multiforme tanto in vitro quanto in vivo – em ratos e camundongos. **CONCLUSÃO:** A luteolina mostrou-se capaz de agir como um eficaz agente antitumoral, apresentando diferentes mecanismos como: ação citotóxica, anti proliferativa e anti-invasiva, inibição de fatores de progressão celular, associando-se a proteínas e genes relacionados ao ciclo celular exacerbado. Sugere-se esse flavonoide como um potente quimioterápico apto a auxiliar no tratamento de diferentes tipos de câncer.

Palavras-chave: Fitoterapia; Oncologia; Neoplasia.



ÁREA TEMÁTICA: NEUROCIÊNCIAS

FRONTEIRAS DA NEUROGENÉTICA: O PAPEL DA COMBINAÇÃO *SLC6A3* 3'-UTR VNTR E INTRON 8 VNTR NA ATIVIDADE DO CÓRTEX CEREBRAL DURANTE A TEMPORIZAÇÃO

Bianca Maria de Oliveira Sousa^{1,2}; Giovanny Rebouças Pinto²; France Keiko Nascimento Yoshioka²; Victor Hugo do Vale Bastos³; Aline Miranda da Conceição³; Francisco Victor Costa Marinho^{2,3}

^{1,2} Graduanda em Biomedicina, Universidade Federal do Delta do Parnaíba – UFDPA, Parnaíba, Piauí;

² Laboratório de Genética e Biologia Molecular, Universidade Federal do Delta do Parnaíba – UFDPA, Parnaíba, Piauí;

³ Laboratório de Mapeamento Cerebral e Funcionalidade – LAMCEF, Universidade Federal do Delta do Parnaíba – UFDPA, Parnaíba, Piauí.

Modalidade de apresentação: Comunicação oral

E-mail: bimaria17@ufdpar.edu.br

Introdução: A temporização possui atuação neurotransmissora, dentre elas a dopamina, a qual é um precursor da compreensão do tempo nos domínios de milissegundos-a-horas. Alterações na sinalização dopaminérgica por meio de polimorfismos genéticos *SLC6A3* 3'-UTR VNTR e *SLC6A3* intron 8 VNTR podem promover mudanças de ativação do córtex cerebral e diferenças interindividuais para estimar o tempo. Isso, pode ser devido as alterações na expressão e síntese proteica do transportador de dopamina, pois modula a concentração do neurotransmissor nos terminais pré-sinápticos íon-dependentes. **Objetivo:** Analisar o efeito combinatório dos polimorfismos *SLC6A3* 3'-UTR e intron 8 VNTRs na potência da banda alfa do córtex pré-frontal dorsolateral durante a temporização de estímulos visuais. **Métodos:** Cento e sete indivíduos saudáveis do sexo masculino e com faixa etária de 18 a 32 anos foram selecionados para a captação da eletroencefalografia (EEG) concomitante a execução da tarefa de percepção do tempo com estímulo visual (intervalos de 1, 4, 7 ou 9 segundos). Foi analisado a potência do EEG para a banda alfa (8–12Hz). Posteriormente, foi realizado a genotipagem do *SLC6A3* 3'-UTR VNTR de 40bp e *SLC6A3* intron 8 VNTR de 30bp por meio da reação em cadeia da polimerase. As frequências genotípicas foram testadas para o equilíbrio de Hardy-Weinberg usando χ^2 -teste. Em seguida, foi realizado testes ANOVA no intuito de demonstrar as diferenças dos genótipos quanto a potência da banda alfa nos intervalos de tempo, sendo resultados estatisticamente significativos com $p < 0,05$. Todas as análises foram conduzidas utilizando o SPSS para Windows versão 20.0. **Resultados:** Para 3'-UTR VNTR as frequências alélicas de 10R e 9R foram 0,77 e 0,23, e em relação ao intron 8 VNTR as frequências de 6R e 5R foram 0,82 e 0,18. A população de estudo encontra-se em equilíbrio de Hardy-Weinberg para todos os polimorfismos ($p > 0,05$). Na atividade neurofisiológica, houve interação entre o fator agrupamento *SLC6A3* 3'-UTR e intron 8 VNTRs e fator área somente para o intervalo de 1s: [$F(5) = 8,54$; $p = 0,001$; $\eta^2p = 0,46$; poder = 95,8%]. Ao analisar a interação, foi evidenciado resultado significativo apenas para o CPFDL esquerdo: [$t(3) = 12,78$; $p = 0,007$; $d = 0,17$; IC95% 0,31-0,52]. **Conclusão:** Investigação neurofisiológica durante a temporização e associada ao gene *SLC6A3* sugere uma avaliação alternativa de aspectos neurobiológicos embutidos na percepção do tempo. Os polimorfismos 3'-UTR e intron 8 VNTRs modulam a atividade do córtex pré-frontal dorsolateral esquerdo durante os processos de atenção voluntária e percepção dos intervalos de tempo.

Palavras-chave: Gene *SLC6A3*; Percepção do tempo; Eletroencefalografia.



Congresso de
Genética Médica
do Delta do Parnaíba



ÁREA TEMÁTICA: GENÉTICA MÉDICA

GENÉTICA E INTELIGÊNCIA ARTIFICIAL: A INTERSEÇÃO ENTRE O CÓDIGO DA VIDA E ALGORITMOS TECNOLÓGICOS

¹ Marina Nascimento Vêras; ² Benjamin De Sousa Oliveira; ³ Benedito Dos Santos Alves; ⁴ Gabriel da Silva Brito;
⁵ Bianca Maria de Oliveira Sousa; ⁶ Giovanny Rebouças Pinto.

^{1,3,4,5} Graduandos de Biomedicina da Universidade Federal do Delta do Parnaíba, ² Graduando de Ciências Biológicas da Universidade Federal do Delta do Parnaíba de Biomedicina da Universidade Federal do Delta do Parnaíba, ⁶ Docente pela Universidade Federal do Delta do Parnaíba.

Modalidade de apresentação: Banner

E-mail: veerasmaryna@gmail.com

INTRODUÇÃO: A inteligência artificial (IA) utiliza algoritmos para simular o raciocínio humano, permitindo reconhecer padrões em imagens, compreender a linguagem natural e tomar decisões baseadas em dados. Exemplos incluem chatbots e modelos de aprendizado profundo (MAP). O estudo da genética tem avançado rapidamente com o sequenciamento de nova geração e a bioinformática. Diante dessas inovações, a interação entre geneticistas e IA torna-se essencial para otimizar a análise de dados e impulsionar novas descobertas. **OBJETIVO:** Descrever o impacto e a aplicabilidade da IA na genética, abrangendo diferentes áreas desde a pesquisa até o diagnóstico clínico. **METODOLOGIA:** Foi realizada uma revisão bibliográfica nas bases de dados Medline, PubMed e Web of Science, com os descritores “Genetics Human”, “Genetics” e “Artificial intelligence”, sem restrições de idioma e período. **RESULTADOS:** Dos 503 artigos encontrados, 419 foram excluídos após análise de títulos e resumos, 16 estavam duplicados. Após leitura integral, 49 artigos foram excluídos por não alinhamento ao objetivo, restando 19 artigos para a revisão. Evidenciou-se que abordagens de IA podem analisar grandes conjuntos de dados heterogêneos de variantes e expressão genética, potencializando análises estatísticas multivariadas e atuando como ferramentas de pré-triagem em histopatologia. Adicionalmente, softwares citogenéticos proporcionam resultados cromossômicos mais precisos, facilitando a classificação e análise cromossômica. Os algoritmos de aprendizado de máquina são eficazes na interpretação de variantes genéticas, especialmente na diferenciação entre mutações patogênicas e benignas. Em oncologia, esses algoritmos têm demonstrado grande potencial na identificação de alvos terapêuticos específicos e na detecção de fusões genéticas associadas a neoantígenos imunogênicos, essenciais ao desenvolvimento de vacinas terapêuticas personalizadas. Além disso, chatbots têm sido empregados com sucesso na triagem inicial para câncer de mama e ovário hereditários, realizando aconselhamento de risco conforme critérios estabelecidos pela Rede Nacional Abrangente do Câncer, assim como a partir da análise do histórico pessoal e familiar dos pacientes. Por outro lado, a IA também é útil na geração de relatórios detalhados sobre ancestralidade genética e no agrupamento de indivíduos geneticamente semelhantes. Na genética forense, análises automatizadas de perfis de repetições curtas em tandem reduzem significativamente erros interpretativos. Além disso, destaca-se o uso da IA no diagnóstico da síndrome de Down, identificando traços faciais característicos e auxiliando na interpretação de

imagens médicas. Ainda no contexto clínico, métodos de IA são empregados no treinamento de residentes em genética clínica, por meio da comparação de imagens reais com imagens geradas artificialmente, promovendo um melhor reconhecimento e diagnóstico de síndromes genéticas diversas. Por fim, intervenções terapêuticas baseadas em IA, como terapias assistidas por robôs e treinamentos por realidade virtual, também apresentam resultados promissores. Essas intervenções são especialmente eficazes no aprimoramento das interações sociais e da comunicação em pacientes diagnosticados com autismo. **CONCLUSÃO:** Apesar das limitações éticas, interpretativas e relacionadas à privacidade de dados, o emprego da IA na genética favorece significativamente a tomada de decisões clínicas, intervenções educacionais, aperfeiçoamento tecnológico, gestão de dados e redução de barreiras ao atendimento médico, ampliando o acesso equitativo aos serviços genéticos.

Palavras chave: Algoritmos; Inovação; Serviços em Genética.



Congresso de
Genética Médica
do Delta do Parnaíba



ÁREA TEMÁTICA: BIOLOGIA MOLECULAR E GENÉTICA

IDENTIFICAÇÃO DE CLUSTERS GÊNICOS DE BACTÉRIAS ASSOCIADAS À COINFEÇÃO DE PACIENTES COM SARS-COV-2

Marcos Davi de Sousa Campos¹; Amanda Macedo Lima¹; William Matheus Coelho Rodrigues¹; José Isaias Pimentel Barros²; Anna Letícia Silva da Costa³; Nathália Silva Batista³; Leonardo Teixeira Dall'Agnol⁴

¹Graduando em Ciências Biológicas pela Universidade Federal do Maranhão - UFMA, MA, Brasil;

²Pós-graduando em Saúde e Ambiente pela Universidade Federal do Maranhão - UFMA, MA, Brasil;

³Pós-graduando em Ciência e Tecnologia Ambiental pela Universidade Federal do Maranhão - UFMA, MA, Brasil;

⁴Docente orientador do Curso de Ciências Biológicas da UFMA, MA, Brasil.

Modalidade de apresentação: Online

E-mail: marcos.dsc@discente.ufma.br

Introdução: A COVID-19 é uma doença viral que afeta pacientes com perfis clínicos variados, apresentando sintomas que podem ser leves, graves ou assintomáticos. O vírus provoca lesões no endotélio, alterando sua morfologia e função, o que facilita a aderência de bactérias, incluindo as oportunistas e multirresistentes, contribuindo para o desenvolvimento de infecções secundárias nesses pacientes. **Objetivo:** Identificar clusters gênicos potencialmente associados à resistência bacteriana em seis cepas bacterianas descritas no microbioma do trato respiratório de pacientes com SARS-CoV-2, utilizando uma abordagem genômica. **Métodos:** Os genomas das seis cepas bacterianas de referência foram obtidos no formato GenBank a partir do NCBI, correspondendo a *Pseudomonas aeruginosa* PAO1 (GCA_000006765.1), *Acinetobacter baumannii* (GCA_009035845.1), *Streptococcus pneumoniae* (GCA_001457635.1), *Haemophilus influenzae* (GCA_020736045.1), *Staphylococcus aureus* (GCA_026167765.1) e *Staphylococcus epidermidis* (GCA_006094375.1), previamente identificadas em estudos do microbioma do trato respiratório de pacientes com SARS-CoV-2. A identificação dos agrupamentos de genes biossintéticos (BGCs) de metabólitos secundários foi realizada com o antiSMASH 8.0 clássico, utilizando os dados em formato GenBank. A comparação genômica e análise de clusters ortólogos foi conduzida com o OrthoVenn3, no formato Fasta. **Resultados:** Através do antiSMASH foi possível identificar 12 tipos diferentes de BGCs em *P. aeruginosa*, oito em *A. baumannii*, oito em *S. aureus*, cinco em *S. epidermidis*, dois em *S. pneumoniae* e dois em *H. influenzae*. 52 BGCs foram identificados, sendo eles: RiPP-like (9), NRPS (7), NI-siderophore (4), hserlactone (3), betalactone (3), NRP-metallophore (3), opine-like-metallophore (3), T3PKS (3), dentre outros. Os NRPs, RiPPs, e T3PKS, são compostos bioativos que podem conferir resistência a antibióticos. Sua presença é essencial para as respostas microbianas à pressão antibiótica, facilitando os mecanismos de resistência. A análise comparativa no OrthoVenn3 identificou 10.539 clusters gênicos associados a 19.314 proteínas, distribuídos da seguinte forma: *P. aeruginosa* (2.612 clusters/6.820 proteínas), *A. baumannii* (1.983 clusters/3.731 proteínas), *S. aureus* (1.943 clusters/2.595 proteínas), *S. epidermidis* (1.879 clusters/2.312 proteínas), *S. pneumoniae* (1.003 clusters/2.088 proteínas) e *H.*

influenzae (1.119 clusters/1.768 proteínas). Foi possível identificar 361 clusters gênicos compartilhados entre as seis linhagens bacterianas. Foram observados Genes Ontology (GO) relacionados a componentes celulares associados à formação de compostos envolvidos na estrutura do envelope celular (GO:0030313). No processo biológico, foi identificado o termo GO:0042710, relacionado à formação de biofilme. Em termos de funções moleculares, foram identificadas as atividades peptidase (GO:0008233) e hidrolase (GO:0016787), ambas associadas à degradação de antibióticos. **Conclusão:** A análise genômica das cepas revelou diferentes tipos de BGCs, com *P. aeruginosa*, *A. baumannii* e *S. aureus* apresentando maiores quantidades. Destacam-se os tipos RiPP-like, NRPS e T3PKS, sugerindo associação com resistência e sobrevivência dos patógenos estudados. Também foram identificados genes Gene Ontology relacionados ao envelope celular, formação de biofilme e atividades peptidase e hidrolase. Esses mecanismos contribuem para a integridade celular e adesão ao hospedeiro, favorecendo a resistência e persistência em pacientes com COVID-19, destacando a necessidade de estratégias eficazes de controle e novas abordagens terapêuticas.

Palavras-chave: Bioinformática; Infecções Oportunistas, Resistência a Antibióticos.



ÁREA TEMÁTICA: EPIDEMIOLOGIA E SAÚDE PÚBLICA

MÉTODOS DE DIAGNÓSTICOS MOLECULARES PARA DETECÇÃO DE PATÓGENOS CONTAMINANTES DE ALIMENTOS – UMA REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.

Izabela dos Santos Alves^{1*}; Iweltman dos Santos Alves²; Pedro Sanches dos Reis³

¹ Universidade Federal do Delta do Parnaíba (UFDPAr), Acadêmica do Curso de Fisioterapia.

² Universidade Federal do Delta do Parnaíba (UFDPAr), Acadêmico do Curso de C. Biológicas.

³ Universidade Federal do Delta do Parnaíba (UFDPAr), Docente do Curso de Biomedicina.

Modalidade de Apresentação: Banner.

Email: allves.izabela@gmail.com

Introdução: Os métodos moleculares constituem-se na atualidade, em ferramentas de alto valor para identificação de patógenos contaminantes de alimentos, sejam quaisquer forem suas origens. Estes métodos são utilizados para detectar doenças transmitidas por alimentos através da análise de DNA ou RNA. São uma ferramenta importante para a segurança dos alimentos e também para prevenir surtos alimentares. **Objetivo:** Este trabalho teve como objetivo evidenciar as principais técnicas moleculares utilizadas para o diagnóstico de patógenos contaminantes de alimentos que possuem repercussão na saúde pública. **Métodos:** Trata-se de uma breve revisão bibliográfica na literatura, realizada por meio da consulta a bases de dados Google Acadêmico, *PubMed*, *LILACS* e *MEDLINE*. **Resultados:** A pesquisa fez uso de artigos primários e secundários. Utilizou-se nessa pesquisa vinte (20) artigos para o conteúdo dessa revisão. Atualmente, a detecção de patógenos em alimentos é amplamente realizada por técnicas de microbiologia convencional, as quais são morosas e muitas vezes podem acarretar em interpretações errôneas. A detecção de microrganismos patogênicos é de suma importância visto que estes possuem potencial causador de toxinfecção alimentar. Tecnologias opcionais de rápida execução vêm sendo desenvolvidas. O diagnóstico molecular para fins de investigação das doenças transmitidas por alimentos está associado à pesquisa de patógenos causadores de doenças. As principais técnicas moleculares observadas nesse estudo foram: reação da polimerase em cadeia (PCR), reação em cadeia da polimerase em tempo real (RT-PCR), hibridização com sondas de DNA e diagnóstico microbiológico digital (DMD). Estas técnicas permitem identificar a presença de patógenos presentes em alimentos de origens diversas tais como: *T. cruzi*, *Salmonella sp.*, *B. cereus*, *Vibrio cholerae* e vírus A (HAV). **Conclusão:** A pesquisa foi satisfatória ao evidenciar as técnicas moleculares comumente utilizadas para o diagnóstico de doenças transmitidas por alimentos. A identificação de patógenos em alimentos por meio de técnicas moleculares apresenta altíssima sensibilidade na investigação do alvo de interesse. Assim, o diagnóstico molecular de patógenos em alimentos garantem eficiência e segurança no diagnóstico de doenças que impactam na saúde pública dos consumidores.

Palavras-chaves: Patógenos Alimentares; Microrganismos Patogênicos; Doenças Transmitidas por Alimentos.



Congresso de
Genética Médica
do Delta do Parnaíba



ÁREA TEMÁTICA: ONCOLOGIA

PAPEL DOS MICRORNA'S NO PROCESSO ONCOGÊNICO DURANTE A INFECÇÃO PELO HIV: UMA REVISÃO DA LITERATURA

¹Sara Jullie da Silva Vieira; ²Bruno Antonio Ximenes Albuquerque; ³Maria Raquel Dias
Dantas; ⁴Laiza Tailane Santana de Castro; ⁵Livia Rodrigues Silveira;
⁶Rafaela Maria da Silva Ribeiro

¹Graduando em Biomedicina pela Universidade Federal do Delta do Parnaíba - UFDPAr, PI, Brasil;

²Docente orientador do Curso de Medicina da UFDPAr, PI, Brasil.

Modalidade de apresentação: Banner

E-mail: sjvs1468@gmail.com

INTRODUÇÃO: A infecção pelo vírus HIV compromete o sistema imunológico, podendo evoluir para a AIDS na ausência de diagnóstico e tratamento adequados. Apesar dos avanços na redução da mortalidade da doença, desafios ainda persistem na prevenção, diagnóstico precoce e acesso à terapia, elevando o risco de cânceres como linfoma e sarcoma de Kaposi, comuns em quadros de imunodeficiência. Assim, investigar mecanismos moleculares, como os microRNAs, é importante, pois esses regulam a expressão gênica e influenciam a replicação do HIV, impactando a oncogênese associada à infecção. **OBJETIVO:** Investigar a relação de microRNAs com o processo oncogênico da infecção por HIV. **METODOLOGIA:** Trata-se de uma revisão da literatura realizada nas bases de dados Pubmed e BioMedCentral. Os descritores buscados foram: "Micro RNA", Micro-RNA, MicroRNA, miRNA, "HIV Infection", Carcinogenesis, Oncogenesis e Tumorigenesis de forma associada. Nos últimos 10 anos e apenas em artigos na íntegra. **RESULTADOS:** A busca resultou em 73 artigos; 28 foram excluídos por estarem publicados há mais de 10 anos ou não estarem disponíveis. 33 foram excluídos por não seguirem o escopo da pesquisa. Ao final, 12 artigos foram analisados. Dentre os achados destaca-se que cinco microRNAs foram associados de forma agressiva a oncogênese: miR-34a, miR-155, miR-146a, miR-27b, miR-198. Sendo estes relacionados à proliferação celular desregulada, resistência à apoptose, inflamação crônica e progressão de cânceres. Entretanto, foi verificado que o miRNA let-7i age de forma protetiva, pois quando esta hipoexpresso pelo vírus HIV-1, acaba enfraquecendo o sistema imune e dificultando o ataque as células cancerosas. **CONCLUSÃO:** Os dados obtidos revelam que determinados microRNAs desempenham um papel significativo na oncogênese associada à infecção pelo HIV. Esses achados reforçam a importância de pesquisas sobre a regulação de microRNAs como potenciais alvos terapêuticos, visando mitigar o impacto da infecção pelo HIV na progressão do câncer e aprimorar estratégias de tratamento para pacientes imunocomprometidos.

Palavras-chave: Expressão Gênica; Progressão da Doença; Neoplasias.



Congresso de
Genética Médica
do Delta do Parnaíba



ÁREA TEMÁTICA: EPIDEMIOLOGIA E SAÚDE PÚBLICA

PERFIL EPIDEMIOLÓGICO DA MORTALIDADE GERAL POR DEFICIÊNCIA HEREDITÁRIA DO FATOR VIII NO BRASIL, DURANTE O PERÍODO DE 2000 A 2023.

Kaylany Paes dos Santos¹; Ruan Pábulo Bendeira Pinto²; Mariana Fochesato¹; Leiz Maria Costa Vêras³; Ayane Araujo Rodrigues⁴

¹Graduanda em Enfermagem pelo Centro Universitário Maurício de Nassau – Parnaíba, PI, Brasil;

²Graduando em Ciências Biológicas pela Universidade Federal do Delta do Parnaíba - UFDPAr, PI, Brasil, ³Docente orientador do Programa de Biotecnologia da UFDPAr, PI, Brasil, ⁴Docente orientador do curso de Enfermagem da UNINASSAU, PI, Brasil.

Modalidade de apresentação: Comunicação Oral

E-mail: kaylanysantos57@gmail.com

Introdução: A hemofilia é uma doença genética caracterizada pela deficiência dos fatores de coagulação VIII (hemofilia A) ou IX (hemofilia B). Ligada ao cromossomo X, afeta principalmente homens, embora casos femininos sejam raros. Os sintomas incluem hemorragias espontâneas, principalmente nas articulações e músculos, podendo levar a lesões ósseas e artropatias nos casos graves. O diagnóstico baseia-se no TTPA e na dosagem do fator VIII. O tratamento consiste na reposição intravenosa do fator deficiente. **Objetivo:** Dessa forma, o presente estudo visa traçar o perfil epidemiológico da hemofilia A, considerando sua importância na construção de políticas públicas relacionadas ao diagnóstico precoce, ao tratamento adequado e a melhoria da qualidade de vida dos portadores da doença. **Métodos:** Para a realização deste estudo, foram coletados dados quantitativos sobre os óbitos gerais decorrentes da deficiência hereditária do fator VIII no Brasil, no período de 2000 a 2024. As informações foram obtidas por meio da Plataforma Integrada de Vigilância em Saúde (IVIS) e do Departamento de Informática do Sistema Único de Saúde (DATASUS). Também foi realizada uma verificação com base no último censo demográfico divulgado pelo Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE). **Resultados ou Análise Crítica:** Entre os anos de 2000 e 2023, foram notificados 508 óbitos por hemofilia tipo A no Brasil. Além disso, no ano de 2024 foram registrados 21 casos, conforme declarado pela Plataforma Integrada de Vigilância em Saúde (IVIS), porém esses dados não foram considerados na análise deste estudo devido à falta de declarações do total de informações registradas. As regiões com maior número de notificações foram o Sudeste e o Nordeste, com 180 e 145 óbitos, respectivamente, representando 35,43% e 28,54% do total de óbitos registrados. Nas regiões Norte, Sul e Centro-Oeste ocorreram 50, 92 e 41 óbitos, correspondendo a 9,84%, 18,11% e 8,07% do total, respectivamente. Os Estados mais afetados, em termos absolutos, foram São Paulo e Minas Gerais, com 80 e 52 óbitos, representando 15,75% e 10,24% do total de óbitos registrados. Durante o período analisado, os anos com as maiores taxas de notificação foram 2003 e 2009, com 34 e 29 óbitos, representando 6,7% e 5,7% do total de notificações, seguidamente. No que diz respeito ao perfil epidemiológico, observou-se que o grupo etário com maior número de notificações foi o de indivíduos entre 40 e 49 anos, com 101 óbitos, representando 19,88% do

total da taxa mortalidade. Em relação ao sexo, a maioria dos óbitos (495 notificações) ocorreram no sexo masculino, representando 97,4% do total de óbitos. Quanto à etnia, a maioria das vítimas era branca, com 244 óbitos, correspondendo a 48,03% do total. **Conclusão:** Os dados de óbitos por hemofilia A no Brasil (2000-2023) mostram padrões regionais e demográficos. As maiores taxas ocorrem no Sudeste e Nordeste, devido à maior população e melhor infraestrutura de saúde. A doença afeta principalmente homens de meia-idade, com prevalência entre brancos. Essas informações são essenciais para aprimorar políticas de diagnóstico, tratamento e vigilância epidemiológica.

Palavras-chave: Hemofilia A; Deficiência do Fator VIII; Perfil Epidemiológico.



Congresso de
Genética Médica
do Delta do Parnaíba



ÁREA TEMÁTICA: ONCOLOGIA

POTENCIAL PAPEL DOS miRNAs PARA ESTRATÉGIA TERAPÊUTICA NA LEUCEMIA LINFOCÍTICA CRÔNICA: UMA REVISÃO DE LITERATURA

Javane da Silva Sousa¹; Sabrina Soares Silva¹; Nayane Siqueira Oliveira¹; Rayna Katlhey Gomes da Silva¹; Mylena Vidal de França¹; Luís Guilherme Duarte Feitosa¹; Fábio José Nascimento Motta²

¹Graduando em Biomedicina pela Universidade Federal do Delta do Parnaíba - UFDPAr, PI, Brasil; ²Docente orientador do Curso de Biomedicina da UFDPAr, PI, Brasil.

Modalidade de apresentação: Online

E-mail: jayanesousa22@gmail.com

Introdução: A Leucemia Linfocítica Crônica (LLC) é a forma mais comum de leucemia em adultos, caracterizada pelo acúmulo de células B maduras no sangue e medula óssea. Apesar dos avanços no tratamento, a doença ainda apresenta desafios devido a sua diversidade genética e resistência a terapias. Os microRNAs (miRNAs), pequenas moléculas de RNA não codificantes, têm um papel importante na LCC, ajudando a distinguir as células B normais das células LLC malignas. A desregulação de miRNAs específicos está associada a progressão da doença, prognóstico e resistência a medicamentos. Nessa perspectiva, pesquisas recentes têm explorado o impacto dos miRNAs na LLC e seu potencial como estratégia terapêutica. **Objetivo:** Analisar evidências sobre o papel dos miRNAs para terapia de Leucemia Linfocítica Crônica. **Métodos:** Trata-se de um estudo descritivo, com abordagem qualitativa, mediante revisão da literatura. Utilizou-se as bases de dados PubMed, Science Direct e Biblioteca Virtual de Saúde (BVS), buscando os descritores "Chronic Lymphocytic Leukemia"; "miRNA"; Therapy, intermediando o operador booleano AND. Foram selecionados artigos disponíveis na íntegra, em inglês e português, publicados nos últimos 5 anos, completos e relacionados ao tema e excluídos da pesquisa publicações que não apresentassem adesão ao tema, artigos incompletos ou que não seguissem os critérios de inclusão. **Resultados ou Análise Crítica:** Após a aplicação dos descritores nas bases de dados, foram selecionados 26 artigos para leitura. A análise do total de artigos selecionados, utilizando a aplicação dos critérios de inclusão e exclusão, permitiu identificar 7 estudos que abordam a relação entre os miRNAs e a Leucemia Linfocítica Crônica. Dessa forma, as análises demonstram que regular os níveis desses miRNAs como estratégia terapêutica deve ser explorada. O miR-29 é reduzido na LLC, levando ao aumento da TRAF4, que intensifica a ativação da via CD40–NF-κB, promovendo a sobrevivência das células leucêmicas. Como abordagem terapêutica, o uso de miméticos de miR-29 pode restaurar seus níveis, ajudando a sinalização regular do CD40 e reduzindo a frequência das células malignas. Ademais, outros estudos sugerem que o miR-146b-5p desempenha um papel crucial na patogênese da LLC ao modular a via de sinalização do IL-23, representando um potencial alvo terapêutico e a inibição do miR-155 pode reduzir a proliferação celular e a resistência à apoptose em células de LLC. Além disso, silenciamentos de miRNAs oncogênicos usando oligonucleotídeos já foram exploradas, um exemplo foi a administração de antagomiR-17 em células de um modelo de LLC que resultou em redução do crescimento tumoral. Em outro estudo foi observado dentro do grupo de pacientes com LLC incluídos

aqueles com alta expressão de miR19a tiveram melhor sobrevida global do que aqueles com baixa expressão. **Conclusão:** Os estudos analisados demonstraram a importância dos miRNAs como marcadores potenciais para o diagnóstico e prognóstico da LLC, além de sua possível aplicação como estratégia terapêutica. Portanto, é fundamental continuar a investigar o papel dos miRNAs na LLC, visando o desenvolvimento de novas abordagens terapêuticas e melhorando a compreensão da patogênese da doença.

Palavras-chave: Leucemia linfocítica crônica; miRNA; Terapia.



ÁREA TEMÁTICA: NEUROCIÊNCIAS

SAINDO FORA DA CAIXA: O POLIMORFISMO *SLC6A3* 3'-UTR VNTR PODE MODULAR A REGULAÇÃO DO SONO?

**Bianca Maria de Oliveira Sousa^{1,2}; Victor Hugo do Vale Bastos²; Giovanny Rebouças Pinto²; Aline
Miranda da Conceição²; France Keiko Nascimento Yoshioka²; Francisco Victor Costa Marinho²**

^{1,2} Graduanda em Biomedicina, Universidade Federal do Delta do Parnaíba – UFDPAR, Parnaíba, Piauí.²

Laboratório de Genética e Biologia Molecular, Universidade Federal do Delta do Parnaíba – UFDPAR, Parnaíba, Piauí. ³ Laboratório de Mapeamento Cerebral e Funcionalidade – LAMCEF, Universidade Federal do Delta do Parnaíba – UFDPAR, Parnaíba, Piauí.

Modalidade de apresentação: Comunicação Oral

E-mail: bimaria17@ufdpar.edu.br

Introdução: O sono torna-se crucial para entender a homeostase e desempenho cognitivo durante as atividades cotidianas. A regulação do sono possui uma ação adjuvante da neurotransmissão dopaminérgica. Logo, a dopamina atua como cofator na sincronização da secreção melatonérgica nos feixes hipotalâmicos associados a glândula pineal, e mudanças moleculares por meio de polimorfismos genéticos no transportador de dopamina (DAT) pode alterar a cascata de transdução da melatonina durante a manutenção do sono. Nesse sentido, o entendimento da dinâmica molecular do polimorfismo em regiões reguladoras do DAT - *SLC6A3* 3'-UTR VNTR (rs28363170) no ciclo sono/vigília ainda é escassa, e dessa forma o estudo contribui para o futuro desenvolvimento de padrões de rastreamento molecular associados aos diversos fenótipos, saudáveis ou não associados ao sono. **Objetivo:** Identificar a atuação dos polimorfismos *SLC6A3* 3'-UTR VNTR no padrão de sono captado por polissonografia tipo III. **Métodos:** Foram selecionados 70 indivíduos saudáveis do sexo masculino, com média de idade $\pm$ desvio padrão (DP) = $22,05 \pm 3,07$ anos (faixa etária = 18 a 32 anos). Foram feitas coleta sanguínea para extração e obtenção do material genético, com posterior reação em cadeia polimerase convencional e genotipagem do polimorfismo *SLC6A3* 3'-UTR VNTR. Posteriormente foi realizado a polissonografia tipo III (poligrafia portátil) por meio do equipamento *ApneaLink Air* para avaliação de parâmetros cardiorrespiratórios, sonolência diurna, apneia obstrutiva do sono e ronco. Para a estatística, as frequências genotípicas foram testadas para o equilíbrio de Hardy-Weinberg usando o teste Qui-quadrado (χ^2). Em seguida, para a comparação dos parâmetros de sono com base nos genótipos do polimorfismo genético foi realizado um teste *t* independente. A probabilidade de 5% para o erro tipo I foi adotada em todas as análises ($p < 0,05$). **Resultados:** A população de estudo encontra-se em equilíbrio de Hardy-Weinberg para o polimorfismo ($p > 0,05$). O teste *t* independente para comparação entre os genótipos 10R/10R vs 10R/9R ou 9R/9R demonstrou resultado significativo apenas para o Índice de apneia/hipopneia (IAH): [$t(1)=11,21$; $p=0.001$; $d=0,31$, com o agrupamento 10R/9R ou 9R/9R obtendo uma média de índice de 0,99 maior em relação ao grupo 10R/10R. **Conclusão:** Os achados podem sugerir que a sinalização dopaminérgica, em especial a baixa sinalização proteica para o transportador de dopamina pode modificar a consistência do sono mediante ocorrência de fatores que levam a riscos de apneia ou hipoapneia de sono.

Palavras-chave: *SLC6A3*; Regulação do sono; Polissonografia.



Congresso de
Genética Médica
do Delta do Parnaíba



ÁREA TEMÁTICA: BIOLOGIA MOLECULAR E GENÉTICA

TERAPIAS BASEADAS EM EDIÇÃO DE GENES: O POTENCIAL DO CRISPR-CAS9 NO TRATAMENTO DE HEMOGLOBINOPATIAS

Iara Maria dos Reis Borges¹; Bruna Kelly Tavares de Sousa¹; Lorena Silva Carvalho¹; Prof^a. Dra.
Valécia Natália Carvalho da Silva²

¹Graduanda em Biomedicina pela Universidade Federal do Delta do Parnaíba - UFDPar, PI, Brasil; ²Docente orientadora do Curso de Biomedicina da UFDPar, PI, Brasil.

Modalidade de apresentação: Comunicação Oral

E-mail: iaramreisb@ufdpar.edu.br

Introdução: A terapia gênica tem se mostrado promissora no tratamento de doenças hereditárias, e o sistema CRISPR-Cas9 (Repetições Palindrômicas Curtas Agrupadas e Regularmente Interespçadas) revolucionou a edição genética ao possibilitar modificações precisas no DNA. Dentre as condições que podem se beneficiar dessa abordagem, destacam-se as hemoglobinopatias, como a anemia falciforme e as talassemias, que afetam a produção de hemoglobina e comprometem o transporte de oxigênio. Embora o transplante de células-tronco hematopoiéticas seja a única opção curativa disponível, sua aplicação é limitada pela escassez de doadores compatíveis e pelo risco de rejeição. Nesse contexto, o CRISPR-Cas9 surge como uma alternativa viável, permitindo a correção direta de mutações genéticas e a reativação da hemoglobina fetal, oferecendo uma nova estratégia para o tratamento dessas doenças. **Objetivo:** Analisar o estado atual das pesquisas sobre o uso do CRISPR-Cas9 no tratamento de hemoglobinopatias, bem como identificar avanços científicos e desafios envolvidos. **Métodos:** Foi realizada uma revisão bibliográfica nas bases de dados PubMed e LILACS, utilizando os descritores: "Genetic Therapy" AND/OR "Hemoglobinopathies" AND/OR "Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats". Foram identificados 92 artigos publicados nos últimos 10 anos, sem restrição de idioma. Após a exclusão de duplicatas, artigos fora do escopo e aqueles sem acesso à íntegra, 30 estudos foram analisados, resultando na seleção final de 11 artigos. **Resultados:** Os avanços na terapia gênica com CRISPR-Cas9 demonstram um potencial significativo no tratamento da β -talassemia e da anemia falciforme, doenças monogênicas causadas por mutações no gene HBB (beta-globina). Estudos mostram que a edição de células-tronco hematopoiéticas (CD34+) pode restaurar a produção de hemoglobina funcional, reduzindo a necessidade de transfusões. Além disso, a reativação da hemoglobina fetal (HbF) por meio da modificação dos genes HBG1 e HBG2 demonstrou efeitos protetores, evitando a polimerização da hemoglobina S (HbS) e atenuando os sintomas clínicos, sem efeitos colaterais detectáveis. Em 2023, a FDA (Food and Drug Administration) aprovou a primeira terapia baseada em CRISPR-Cas9, que inativa a proteína BCL11A, permitindo a síntese de HbF, resultando em melhora clínica significativa em 93,5% dos pacientes tratados. No entanto, desafios como mutações off-target, alto custo (cerca de 2 milhões de dólares por paciente) e acessibilidade limitada ainda restringem sua aplicação em larga escala. **Conclusão:** Os avanços na edição genética com CRISPR-Cas9 ressaltam seu potencial terapêutico e preventivo. No tratamento das hemoglobinopatias, a reprogramação de células hematopoiéticas representa uma alternativa curativa promissora. Apesar dos desafios, o impacto do

CRISPR-Cas9 é inegável, exigindo pesquisas contínuas e regulamentações rigorosas. Ademais, a viabilização dessa tecnologia em regiões com alta prevalência de hemoglobinopatias, como a África e o Sudoeste Asiático, é essencial para consolidar essa abordagem como um marco na terapia genética.

Palavras-chave: CRISPR; Hemoglobinopatias; Terapia Gênica.



Congresso de
Genética Médica
do Delta do Parnaíba



ÁREA TEMÁTICA: EPIDEMIOLOGIA E SAÚDE PÚBLICA

UTILIZAÇÃO DE BIOMARCADORES NA IDENTIFICAÇÃO DA ORIGEM DE MICRORGANISMOS CONTAMINANTES AO REDOR DO MUNDO

William Matheus Coelho Rodrigues¹; Amanda Macedo Lima¹; Marcos Davi de Sousa Campos¹; Hivana Patrícia Melo Barbosa Dall'Agnol².

¹Graduando em Ciências Biológicas pela Universidade Federal do Maranhão - UFMA, MA, Brasil;

²Docente orientador do Curso de Ciências Biológicas da UFMA, MA, Brasil.

Modalidade de apresentação: Online

E-mail: william.coelho@discente.ufma.br

Introdução: A contaminação microbiana de ambientes naturais e urbanos representa um desafio significativo para a saúde pública, podendo resultar em surtos de doenças de origem hídrica e alimentar. A identificação das fontes dessas contaminações é essencial para o desenvolvimento de estratégias eficazes de controle e mitigação, mas a complexidade dos ecossistemas e a diversidade das possíveis fontes tornam essa tarefa desafiadora. Nesse contexto, o *Microbial Source Tracking* (MST) se destaca como uma abordagem eficaz para identificar as origens dessas contaminações, permitindo, por meio de biomarcadores específicos, rastrear fontes precisas de patógenos e oferecer uma ferramenta diferenciada para a prevenção de surtos e a gestão de riscos sanitários. **Objetivo:** Revisar as principais abordagens e aplicações do *Microbial Source Tracking* no contexto da saúde pública, destacando sua relevância na identificação das fontes de contaminação microbiana e na prevenção de surtos. **Métodos:** Foi realizada uma revisão integrativa da literatura na base de dados PubMed, utilizando os descritores '*microbial source tracking*', '*public health*' e '*contamination*'. Os critérios de inclusão abrangeram artigos publicados nos últimos cinco anos (2020-2025), disponíveis em texto completo, redigidos em inglês ou português e que abordassem diretamente o MST como principal metodologia. Estudos de caso, artigos de revisão e pesquisas que não utilizassem o MST como abordagem central não foram incluídos. **Resultados:** O estudo de revisão, que incluiu 60 buscas iniciais e culminou na filtragem de 14 estudos relevantes, revelou que a contaminação varia conforme o ambiente, sendo a origem humana uma das mais frequentes. O marcador HF183, baseado no gene 16S rRNA de *Bacteroides*, foi amplamente utilizado para identificar fezes humanas. Estudos realizados em Portugal e França demonstraram que a utilização desse biomarcador ajudou a detectar fezes humanas em praias, possibilitando intervenções sanitárias eficazes. Marcadores genéticos associados a fontes animais também foram investigados, tais como Pig2Bac (porcos), BacCan (cães) e Av4143 (aves) foram usados para rastrear fezes de espécies domésticas e selvagens. No Peru, esses biomarcadores identificaram exposição humana à contaminação animal em comunidades de baixa renda. Na Suécia, um surto de *Cryptosporidium parvum* associado ao consumo de alface foi rastreado até esgotos urbanos, através da confirmação de padrões bacterianos compatíveis. Nos EUA, análises em playground revelaram que a concentração de bactérias fecais é maior na superfície da areia, reforçando a necessidade de medidas preventivas, como a cobertura de caixas de areia. **Conclusão:** Em suma, a revisão destaca a importância do MST na vigilância microbiológica e no controle de fontes de contaminação, aspectos essenciais para a prevenção de surtos e a proteção da população, uma vez que a utilização dos biomarcadores foi essencial para identificar uma ampla variedade de microrganismos contaminantes em múltiplas localidades, evidenciando sua capacidade de adaptação

a diferentes ambientes. Esses estudos reforçam o papel do MST como ferramenta para ditar ações preventivas relacionadas à intervenção sanitária, o que torna necessária a gestão adequada dentro da abordagem Saúde Única, integrando os setores da saúde, meio ambiente e agricultura, para mitigar impactos ambientais e garantir a segurança sanitária da população.

Palavras-chave: Contaminação; Marcadores Genéticos; Saúde Única.



Congresso de
Genética Médica
do Delta do Parnaíba



ÁREA TEMÁTICA: ONCOLOGIA

ÍNDICES EPIDEMIOLÓGICOS DO CÂNCER DE MAMA NO RIO GRANDE DO NORTE

Thayanne Thyssyanne de Souza Soares Costa¹; Crisanda Rayanne de Araújo Câmara²; Fernanda Sofia Oliveira Fonseca³; Fernanda Fernandes de Araújo⁴.

Universidade Federal Rural do Semi-Árido - UFERSA¹; Faculdade de Enfermagem Nova Esperança FACENE²; Centro Universitário Maurício de Nassau - UNINASSAU³; Universidade do Estado do Rio Grande do Norte - UERN⁴

Modalidade de apresentação: Online

E-mail: oncolthayanne@gmail.com

Introdução: O câncer é o nome dado a um conglomerado de mais de 100 doenças que têm em comum o crescimento desordenado de células, com uma estimativa de que uma em cada cinco pessoas desenvolverá câncer durante a vida. Sendo assim, o câncer de mama é caracterizado pelo desenvolvimento desordenado de células nas glândulas mamárias, sendo o tipo de câncer mais frequente entre as mulheres, embora os homens também possam desenvolver essa neoplasia.

Objetivo: Com isso, objetiva-se, analisar os dados epidemiológicos do Instituto Nacional de Câncer (INCA) o câncer de mama, principalmente no estado do Rio Grande do Norte, com o fito de ressaltar a importância do conhecimento desses valores para a promoção de uma assistência de rastreamento mais precoce e eficaz. **Métodos:** Desse modo, por meio de uma revisão narrativa, foram explorados dados expostos e estimados pelo Instituto Nacional de Câncer para os anos de 2023 a 2025, realizando assim um levantamento epidemiológico com essas informações a respeito do câncer de mama, especificamente para o estado do Rio Grande do Norte, destacando os principais achados.

Resultados: Nesse sentido, segundo dados do INCA, espera-se que ocorram mais de 700 mil novos casos de câncer no Brasil entre 2023 e 2025. Nos quais se observa que, entre os dados para câncer de mama, são esperados mais de 73 mil novos casos para o triênio de 2023 a 2025, o que corresponde a um risco estimado de 66,54 novos casos a cada 100 mil mulheres no Brasil e de 24,99 casos novos a cada 100 mil mulheres na região Nordeste. Enquanto isso, para o Rio Grande do Norte, as estimativas para 2023 apontam mais de 1.100 novos casos de câncer de mama feminino. Assim, pode-se destacar que diversos fatores colaboram para o desenvolvimento dessa neoplasia, como a predisposição genética, histórico de consumo de tabaco, consumo de álcool, falta de atividade física, uma alimentação desregulada, entre outros fatores que podem contribuir, mesmo que indiretamente. O câncer de mama, quando descoberto e tratado em estágios iniciais, aumenta as chances de um bom prognóstico. **Conclusão:** Desse modo, esses dados destacam a relevância de políticas de saúde voltadas à conscientização e à prevenção, abordando fatores de risco como histórico familiar, consumo de tabaco e álcool, sedentarismo e alimentação inadequada, sendo notório que estratégias de rastreamento e programas de educação para a saúde são essenciais para reduzir a incidência e melhorar o diagnóstico precoce do câncer de mama.

Palavras-chave: Câncer de Mama; Epidemiologia; Saúde.

Sobre a Organização



Renata Canalle

Possui graduação em Ciências Biológicas pela Faculdade de Filosofia, Ciências e Letras de Ribeirão Preto da Universidade de São Paulo, Mestrado e Doutorado em Genética pela Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto da Universidade de São Paulo e Pós-doutorado pelo Hospital das Clínicas da Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto da Universidade de São Paulo. Atualmente é Professora Titular da Universidade Federal do Delta do Parnaíba (UFDPar); Docente do curso de Biomedicina da UFDPar; Presidente pro tempore da Comissão Permanente de Pessoal Docente, Membro Titular do Comitê de Ética em Pesquisa da UFDPar, Coordenadora do Projeto de Extensão Brincando com Genética e Coordenadora Adjunta da Liga Acadêmica de Genética (LiAGen). É pesquisadora do Grupo de Genética Humana e Médica (GeHMed) atuando principalmente em pesquisas sobre polimorfismos genéticos de suscetibilidade, doenças complexas, malformações congênitas e doenças raras.

E-mail: recanalle@ufdpar.edu.br

Lattes:

<http://lattes.cnpq.br/6967412907190476>

Orcid:

<https://orcid.org/0000-0002-0411-5265>



Luciana Rocha Faustino

Formada em Ciências Biológicas pela Universidade Federal do Ceará. Mestre e Doutora em Ciências Veterinárias pela Universidade Estadual do Ceará. Realizou estágio de doutorado pelo programa CAPES-Fulbright no Vincent Center for Reproductive Biology, Massachusetts General Hospital/Harvard Medical School, nos Estados Unidos. Atualmente, é professora do curso de Bacharelado em Medicina da UFDPar e Coordenadora de Cursos e Eventos da Pró-Reitoria de Extensão e Cultura. Também atua como professora do curso de Licenciatura em Educação Inclusiva na mesma instituição. Coordena o Núcleo de Extensão em Genética Médica (NUGEM) há seis anos, desenvolvendo diversos projetos na área de genética e inclusão.

E-mail: lucianafaustino@ufdpar.edu.br

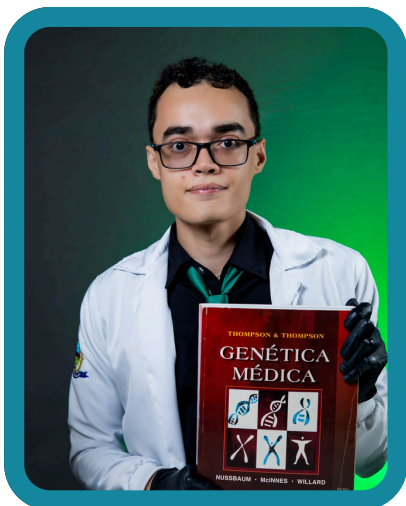
Lattes:

<http://lattes.cnpq.br/5540956377872796>

Orcid:

<https://orcid.org/0000-0002-9452-9014>

Sobre a Organização



Ivã Sales Magalhães

Bacharel em Biomedicina pela UFDPAr. Membro do NUGEM, onde atua como colaborador. Membro fundador da Liga Acadêmica Piauiense de Análises Clínicas (LAPAC/UFDPAr) e da Liga Acadêmica de Microbiologia (LAMIC/UFDPAr). Integra o GEHMED, realizando pesquisas sobre Educação em Genética e Divulgação Científica.

E-mail: iva.sales@hotmail.com

Lattes:

<http://lattes.cnpq.br/1537503625068425>

Orcid:

<https://orcid.org/0000-0002-7614-7186>





O Congresso de Genética Médica do Delta do Parnaíba (CONGENMDelta), realizado nos dias 20, 21 e 22 de março de 2025, constituiu o primeiro evento científico da área promovido pela Universidade Federal do Delta do Parnaíba (UFDPAr) e na região da Planície Litorânea piauiense. Com caráter multidisciplinar, o congresso reuniu profissionais, pesquisadores e estudantes de diferentes áreas da saúde como: Medicina, Biomedicina, Biologia, Fisioterapia e Psicologia, **com o objetivo de fomentar a integração de saberes, a atualização científica e a formação crítica voltada à genética aplicada à prática clínica e laboratorial.**

A programação contemplou palestras, minicursos, apresentações culturais e exposições de trabalhos científicos, promovendo espaços de diálogo e troca de experiências entre a comunidade acadêmica e a sociedade. Nesse contexto, destacou-se a relevância da genética e da genômica como ferramentas essenciais para a compreensão da fisiopatologia das condições genéticas, para o diagnóstico de doenças constitucionais e para o planejamento de condutas terapêuticas, evidenciando sua importância na qualificação do cuidado em saúde.

Considerando o expressivo contingente populacional da região e a crescente demanda por profissionais capacitados para lidar com condições de base genética, o evento buscou suprir a necessidade de iniciativas científicas regionais que estimulem a educação continuada, a pesquisa e a extensão universitária. Ademais, a aproximação com instituições sociais e organizações parceiras, como a APAE, reforçou o compromisso com a inclusão, a disseminação do conhecimento e a redução de estigmas relacionados às doenças genéticas e raras.

Os presentes anais reúnem os trabalhos apresentados durante o congresso e registram a produção científica compartilhada ao longo do evento, consolidando-se como instrumento de divulgação do conhecimento, valorização da pesquisa regional e incentivo à formação de recursos humanos comprometidos com a genética médica e com a promoção da saúde.



EDUFDPAr

