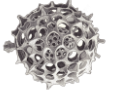


PESQUISA EM BIOLOGIA
2021



Heitor Leme

UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO
Instituto de Biociências

CADERNO DE RESUMOS:
Pesquisa em Biologia
2021

Organização:

Pablo Hugo Galdenço da Silva

Paulo Takeo Sano

São Paulo

2022

Coordenação: Comissão de Graduação do Instituto de Biociências da USP:

Dra. Ana Lúcia Brandimarte;
Dra. Merari de Fátima Ramires Ferrari;
Dra. Rosana Louro Ferreira Silva;
Dra. Zulma Felisbina da Silva Ferreira;
Dr. Paulo Takeo Sano;
Felipe Soares Lauria.

Organização: Pablo Hugo Galdenço da Silva

Paulo Takeo Sano

Ilustração de capa: Heitor Fernandes Leme

C122 Caderno de resumos: pesquisa em Biologia 2021 / Organização de Pablo Hugo Galdenço da Silva, Paulo Takeo Sano -- São Paulo : Instituto de Biociências, Universidade de São Paulo, 2022.
124p. : il.

1. Pesquisa em Biologia. 2. Biologia (Estudo). 3. Pesquisa Científica. I. Galdenço, Pablo Hugo (org.). II. Sano, Paulo Takeo (org.).

LC: QH315

Ficha Catalográfica elaborada por Elisabete da Cruz Neves. CRB-8/6228

Sumário

INSTITUTO DE BIOCIÊNCIAS	9
Departamento de Botânica	10
Actinocephalus polyanthus (Bong.) Sano e A. ramosus (Wikstr.) Sano – Eriocaulaceae: limites taxonômicos e biogeográficos	11
Avaliação do perfil metabólico de folhas de Cucurbita pepo (Cucurbitaceae) submetidas a tratamentos antivirais	12
Avaliação dos dados de ocorrência de Rutaceae como subsídio para elaboração da Flora do Espírito Santo e sua conservação	13
Biologia comparada de quatro isolados de Xanthomonas albilineans em condições in vitro	14
Identificação e caracterização de miRNAs e possíveis alvos em culturas embriogênicas de Araucaria angustifolia	15
O ABC da lignificação: busca por transportadores ABC potencialmente envolvidos na deposição de lignina em Setaria viridis (L.) P.Beauv	16
O desafio de traçar políticas de conservação em uma vegetação naturalmente heterogênea: um estudo com os campos rupestres	17
Padrões biogeográficos e endemismo de Annonaceae na Mata Atlântica	18
Plasticidade morfo-fisiológicas em subespécies de Portulaca oleracea.	19
Departamento de Ecologia	20
A bactéria endossimbionte Wolbachia protege moscas do gênero Drosophila contra DAV (vírus A de Drosophila)?	21
A influência da Palmeira-leque-da-China na regeneração da Floresta Ombrófila Densa Montana na Serra da Cantareira, SP	22
Áreas Verdes Urbanas: Revisão Literária sobre o Tipo de Vegetação Utilizada em Parques, Jardins e Praças	23
Biologia reprodutiva do Murucutu (Pulsatrix perspicillata) no Brasil, com o uso de dados da ciência-cidadã	24
Diversidade de dieta de aves e a estrutura das redes de limpeza entre aves e mamíferos da América do Sul e da África	25
Fecundidade, germinação de sementes e crescimento de plantas de Callianthe rufinerva (Malvaceae) sob distintos regimes de polinização por vertebrados.	26
Impactos no estoque de carbono radicular causados pela substituição de cerradão nativo por pastagens, em São Paulo, Brasil	27
Meliponários na região metropolitana de São Paulo	28

Qual a influência da hierarquia competitiva na estruturação de comunidades de plântulas em uma floresta tropical?	29
Recategorização, Redução e Extinção de Áreas Protegidas: uma revisão da literatura	30
Revisitando a técnica de análise da transpiração foliar pelo método de “Pesagem Rápidas”. Emprego de balanças portáteis de alta resolução para reutilização do método com fins didáticos.	31
Sensoriamento Remoto orbital na estimativa de fitomassa aérea verde	32
Uma comparação entre tipologias de relações humano-natureza propostas em ciência da conservação	33
Uso das imagens produzidas pelo programa DETER-B na análise da configuração do desmatamento na Amazônia Legal: um estudo de caso	34
Departamento de Fisiologia	35
Tétano cardíaco: a pressão intraventricular simulada via autômato-celular	36
Departamento de Genética e Biologia Evolutiva	37
Análise da interação entre retículo endoplasmático e mitocôndria em modelo celular da doença de alzheimer	38
Análise das Isoformas da Miosina Durante a Miogênese "in vitro", no Músculo Normal e Distrófico	39
Análise de penetrância reduzida de variantes patogênicas em genes clinicamente relevantes em idosos saudáveis	40
Avaliação da deficiência de TBCK, responsável pela síndrome neurodegenerativa IHPRF3, na via de diferenciação neuroglutamatérgica	41
Caracterização bioquímica e cinética da proteína BsYmaD, uma peroxidase de Bacillus subtilis com atividade centrada em resíduo de cisteína	42
Caracterização in vitro do estado redox e da expressão de TCOF1 durante o desenvolvimento craniofacial humano	43
Clonagem e expressão de receptor quimérico de antígeno em linfócitos	44
Diversidade morfológica craniana, micro-evolução e ocupação do Vale do Ribeira de Iguape por grupos humanos no Holoceno	45
Estudos sobre a proteína CSD, o sinal primário da determinação sexual em abelhas	46
Identificação de espécie utilizando genética molecular forense	47
Identificação e Caracterização de Ohr em Physcomitrella patens, organismo modelo de plantas	48
Investigação de variantes de risco em pacientes com Transtorno do Espectro Autista	49
Modelagem de tumor embrionário do Sistema Nervoso Central a partir de células neuroprogenitoras derivadas de células-tronco pluripotentes humanas.	50
Modo de Vida e saúde na população do sítio arqueológico Chupacigarro (500-400 a.C.), vale de Supe, Costa Centro-Norte do Peru	51
Padrão de subsistência e complexificação social: Uma perspectiva bioantropológica comparativa entre populações pré-históricas de ecossistemas litorâneos da América do Sul	52

Relações Humanos-Elefantes: aspectos históricos, ecológicos e desafios enfrentados durante a pandemia de COVID-19	53
Departamento de Zoologia	54
Caracterização da fauna de Arthropoda associada a fungos bioluminescentes (<i>Mycena luxaeterna</i>) no Instituto de Pesquisas da Biodiversidade (IPBio – São Paulo)	55
Crescimento populacional de <i>Arcella intermedia</i> em competição com <i>Spumella</i> sp.	56
Diversidade de “Tetraphyllidea”, parasitas de raias <i>Rhinoptera</i> sp. provenientes do litoral sudeste brasileiro	57
Evolução do canto de anúncio em <i>Cophomantini</i> (Anura: Hylidae)	58
História evolutiva da Isocitrato Desidrogenase (IDH) revela importantes eventos de duplicação gênica e surgimento dos animais no Neoproterozoico	59
História natural de uma população introduzida de <i>Phyllodytes luteolus</i> (Anura, Hylidae) em área urbana no município de Santo André-São Paulo, SP, Brasil	60
Investigando a influência da microbiota bacteriana na alteração da morfologia da carapaça de tecamebas da linhagem <i>Arcella intermedia</i> (Amoebozoa: Arcellinida)	61
Morfologia comparada do receptáculo seminal de lulas (Cephalopoda: Decapodiformes)	62
Taxonomía integrativa da espécie <i>Scaphura nigra</i> Thunberg, 1824 (Orthoptera, Tettigoniidae, Phaneropterinae) através de dados morfológicos e moleculares	63
Área de Educação	64
A biologia na mídia e seu papel para a construção das concepções de gênero	65
A inserção dos ODS no Currículo da Cidade de São Paulo: uma análise exploratória de conexões, conceitos, valores e formas de participação	66
Aprendizagem Epistêmica e Gênero: um olhar para as salas de aula de Ciências	67
Avaliação do conhecimento do público em geral sobre os habitats marinhos bentônicos do Brasil	68
Biodiversidade nos objetivos de aprendizagem dos currículos da cidade de São Paulo de Ciências e no documento educação para os ODS	69
Compreensão sobre correlação e causalidade em fisiologia: análise de uma sequência didática sobre variação da microbiota em seres humanos	70
Conhecimentos sobre ensino de Ciências por Investigação mobilizados por professores de ciências ao avaliar sequências didáticas investigativas	71
Educação ambiental em um coletivo de sustentabilidade escolar no Ensino Médio	72
Engajamento Parental na Divulgação Científica em Transtorno do Espectro Autista (TEA)	73
Estratégias didáticas em sequências de ensino baseadas no Ensino de Ciências por Investigação: caracterizando a complexidade da metodologia	74
Investigações dos séculos XVI ao XVIII sobre os lagartos brasileiros: Estudo de caso sob a lente da arqueologia de Foucault	75
O HIV e a Aids nas escolas: De que formas essa temática é apresentada por professores?	76

Os domínios conceitual, epistêmico e social do conhecimento científico no currículo de ciências da cidade de São Paulo	77
OUTRAS UNIDADES	78
Centro de Biologia Marinha (CEBIMar-USP)	79
Biologia reprodutiva de <i>Palythoa caribaeorum</i> (Duchassaing & Michelotti, 1860) e <i>Protopalythoa variabilis</i> (Duerden, 1898) (Cnidaria, Hexacorallia, Zoantharia): liberação de gametas in situ e descrição dos estágios iniciais de desenvolvimento	80
Variação Sazonal da Abundância de <i>Synechococcus</i> nas Águas do Canal de São Sebastião	81
Escola de Artes, Ciências e Humanidades (EACH-USP)	82
O uso de corantes naturais na moda íntima: vantagens e aceitação pelo mercado	83
Faculdade de Filosofia, Letras e Ciências Humanas (FFLCH-USP)	84
Uma Introdução à História da Embriologia	85
Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto (FMRP-USP)	86
Quantificação do efeito do espaçamento entre as regiões -35/-10 em promotores sintéticos bacterianos	87
Instituto de Ciências Biomédicas (ICB-USP)	88
Avaliação da pluripotência e autorrenovação de células-tronco embrionárias murinas com expressão diferencial de STI1	89
Caracterização genotípica e fenotípica de pacientes xeroderma pigmentosum	90
Estudo da diversidade do gene parcial COI em parasitas do gênero <i>Eimeria</i> de tamanduá-bandeira (<i>Myrmecophaga tridactyla</i>)	91
Estudo da expressão de moléculas envolvidas em stemness em células-tronco de glioblastoma depletadas para proteína prion	92
Resumo pesquisa em biologia: estudo da regulação gênica em resposta à baixa temperatura em <i>Caulobacter</i>	93
Investigação da distribuição de fluxos metabólicos da bactéria <i>Burkholderia sacchari</i> para maior eficiência na produção de 4-hidroxibutirato (4HB)	94
Investigação molecular e funcional da expressão de ANKHD1 em linhagens celulares de câncer de mama	95
O papel de vesículas extracelulares de células tumorais de mama influenciando células endoteliais derivadas de microcirculação do cérebro	96
Produção de 3-hidroxibutirato em linhagens de <i>E. coli</i>	97
Seleção de isolados bacterianos produtores de Polihidroxialcanoatos (PHAs) a partir de carboidratos presentes em melaço de soja e casca de <i>Eucalyptus</i> sp.	98
Instituto de Matemática e Estatística (IME-USP)	99
Análise do Espaço Neutral Fenotípico para a Rede Booleana do ciclo Celular da Levedura (<i>Saccharomyces cerevisiae</i>)	100

Instituto de Medicina Tropical de São Paulo (IMT-USP)	101
Genotipagem por análise de microssatélites de isolados de <i>Candida parapsilosis</i> (sensu stricto) obtidos de casos de candidíase invasiva	102
Instituto Oceanográfico (IO - USP)	103
Ascídias do Grande Sistema Recifal Amazônico	104
Influência da morfodinâmica e urbanização na abundância e diversidade macrobentônica do supralitoral de praias arenosas	105
Poluentes persistentes orgânicos no tecido hepático de albatroz-de-sobrancelha (<i>Thalassarche melanophris</i>)	106
Instituto de Psicologia (IP - USP)	107
Influência do temperamento dos cães (<i>Canis Familiaris</i>) nas estratégias empregadas durante a tarefa solucionável e tarefa sem solução	108
Instituto de Química (IQ - USP)	109
Avaliação de componentes da parede celular de progênies contrastantes de cana-de-açúcar para produção de biomassa	110
Geração de Células Knockout no gene ADPRHL2 por tecnologia CRISPR/Cas9	111
Estudo da sobrevivência de microrganismos em saís presentes em solo marciano	112
Estudo da aplicação de microrganismos psicrófilos em astrobiologia	113
Museu de Arqueologia e Etnologia (MAE-USP)	114
Origem e desenvolvimento da pesquisa de sequenciamento de DNA antigo em Hominínios de Neandertal e Denisova	115
OUTRAS UNIVERSIDADES E INSTITUIÇÕES	116
Instituto Butantan	117
Investigação de variações morfológicas e geográficas em <i>Lonomia</i> spp. Walker, 1855 (Saturniidae, Hemileucinae) das regiões Sul e Sudeste do Brasil*	118
Relação do desenvolvimento dos esporões pélvicos com a maturação sexual em jiboias (<i>Boa constrictor</i> , Linnaeus, 1758)*	119
Instituto Israelita de Ensino e Pesquisa (IIEP) do Hospital Israelita Albert Einstein	120
Regulação gênica de RIPK3 e seu impacto na sensibilidade à necroptose*	121
Universidade Federal de São Paulo (UNIFESP)	122
Obtenção de células de glioblastoma humano NRF2 nocaute via CRISPR/cas9*	123
Perda da diversidade de Squamata a longo prazo na região mais degradada da Amazônia*	124

INSTITUTO DE BIOCIÊNCIAS

Departamento de Botânica

***Actinocephalus polyanthus* (Bong.) Sano e *A. ramosus* (Wikstr.) Sano –
Eriocaulaceae: limites taxonômicos e biogeográficos**

ALMEIDA, Roberto B. P.; SANO, Paulo T.

O gênero *Actinocephalus* (Eriocaulaceae) apresenta 50 espécies distribuídas, principalmente, no leste do Brasil. Seu centro de diversidade é na Cadeia do Espinhaço. Duas de suas espécies com grande distribuição geográfica são *A. polyanthus* e *A. ramosus*, sendo que ambas apresentam distribuição disjunta entre a Cadeia do Espinhaço e as restingas. Recentemente foram encontrados indivíduos relacionados a *A. polyanthus* nas restingas do sul Bahia, uma área onde só ocorreria *A. ramosus*. O objetivo deste estudo foi investigar as identidades desses espécimes e, além disso, circunscrever caracteres morfológicos que permitam identificar as duas espécies e as suas áreas de distribuição. Para isso, foram consultados os tipos nomenclaturais das espécies, incluindo seus sinônimos; foram analisados 27 caracteres morfológicos em material herborizado e foram construídos mapas de distribuição geográfica, províncias biogeográficas e uso do solo. A análise morfológica se deu por meio de uma análise de UPGMA, usando a distância Euclidiana e uma análise de Principais Componentes (PCA). Foram analisados 130 materiais depositados no herbário SPF, sendo que foram alteradas 24 identificações. Os agrupamentos obtidos pela análise de UPGMA, mostram que não existe uma separação morfológica das populações de *A. ramosus* de acordo com sua distribuição geográfica, como ocorre em *A. polyanthus*. Nas análises de PCA, foi detectado que os caracteres que melhor explicam as variações estão relacionados com o crescimento fenológico das plantas. Quando esses caracteres são retirados da análise, obtém-se que os caracteres mais relevantes são o Diâmetro dos Capítulos e a Largura das Brácteas do Eixo Alongado. Também foi constatado uma diferença na manutenção ou não das roseta das folhas durante a fase reprodutiva, para *A. ramosus*: indivíduos do Espinhaço Mineiro e Rio de Janeiro não apresentam a roseta, na maioria das vezes, enquanto elas são presentes, na maioria dos espécimes coletados na Bahia, seja na Chapada Diamantina ou nas restingas. No Espírito Santo, ela é tanto presente como ausente. Com base nos nossos resultados é provável que os indivíduos encontrados no sul da Bahia sejam representantes de uma espécie nova.

Palavras-Chave: Biogeografia, Cadeia do Espinhaço, Restinga, Taxonomia

**Avaliação do perfil metabólico de folhas de *Cucurbita pepo* (Cucurbitaceae)
submetidas a tratamentos antivirais**

FERREIRA, Demetrius R. T.; SANTOS, Déborah Y. A. C.

A produtividade agrícola é fortemente impactada por fitovirose e, na carência de técnicas para prevenir essas patologias, procura-se desenvolver métodos mais efetivos que os atuais. Tem-se descrito que extratos de algumas plantas, principalmente representantes de Caryophyllales, denotam propriedades antivirais e inibem amplamente infecções quando aplicados em outros vegetais. Não estão definidos seus mecanismos de ação, sugerindo-se que atuem por intermédio de molécula(s) elicitora(s), que ativam uma complexa cascata de reações defensivas, conferindo resistência aos patógenos. Testes preliminares com *Sequoiaria langsdorffii* (Phytolaccaceae) demonstraram que o extrato foliar desta espécie nativa apresenta essas propriedades, inibindo completamente a infecção por *Zucchini yellow mosaic virus* (ZYMV) em abobrinha (*Cucurbita pepo* — Cucurbitaceae). Assim, a partir de metodologias envolvendo Cromatografia Líquida de Alta Eficiência (CLAE), objetivou-se analisar o perfil metabólico de *C. pepo* no contexto de pré-tratamentos com o extrato foliar de

S. langsdorffii e desafio com ZYMV. Para tanto, plântulas foram divididas em quatro grupos, tratados com: tampão fosfato (TF); o extrato de *S. langsdorffii* (EF); um inóculo contendo ZYMV (VI); o protocolo EF seguido pelo VI (EF+VI). Suas folhas foram coletadas 0, 1, 5 e 10 dias após os ensaios, secas e destinadas a extração metanólica, confrontando-se os perfis por meio de CLAE. No total, verificou-se 67 substâncias, dentre essas, 20 apresentaram variação em relação ao grupo controle (TF) em, pelo menos, um dos tratamentos/dia de coleta, destacando-se os resultados envolvendo EF. Diferenças significativas foram observadas para todas as condições experimentais e o padrão de resposta caracterizou-se por iniciar de imediato em EF e EF+VI e ocorrer para VI somente a partir do 5º dia. Tem-se, portanto, que o extrato de *S. langsdorffii* apresenta elicitor(res) que podem ativar respostas de defesa, havendo um potencial a ser estudado para sua aplicação agrônômica.

Palavras-chave: *Cucurbita pepo*; extratos antivirais; *Zucchini yellow mosaic virus*

Avaliação dos dados de ocorrência de Rutaceae como subsídio para elaboração da Flora do Espírito Santo e sua conservação

GIGIER, Marcelo O.; PIRANI, José R; COLLI-SILVA, Matheus.

Apesar de sua pequena área, o estado do Espírito Santo destaca-se pela elevada diversidade florística, com elevados níveis de endemismos. De ocorrência expressiva no estado, destaca-se a família Rutaceae A.Juss. com 16 gêneros e 56 espécies, sendo sete delas endêmicas. No entanto, devido ao histórico de ocupação e uso do solo que data do século XVII, a lista de espécies locais ameaçadas também é grande. Utilizando a vasta quantidade de dados de herbário disponíveis *on-line*, o presente trabalho se propôs a criar uma biblioteca virtualmente completa acerca de dados taxonômicos e de georreferenciamento, capaz de subsidiar a elaboração da Flora do Espírito Santo (ES). Após atualização taxonômica e tratamento adequado dos dados de posicionamento geográfico, que visaram a sanar erros e imprecisões frequentes como coordenada invertida, faltante ou identificação incorreta, foram produzidos mapas conjugando tais dados com aqueles disponíveis da cobertura florestal do estado e seus territórios protegidos. Os resultados indicam que o ES além de contar com baixa extensão de área efetivamente protegida, também apresenta grandes níveis de fragmentação de habitat. Além disso, todas as sete espécies endêmicas encontram-se sob algum nível de ameaça segundo categorias da IUCN, constantes no Livro de Espécies Ameaçadas do Espírito Santo de 2019. Adicionalmente, de modo geral a maior parcela dos registros de Rutaceae no estado advém de locais não oficialmente protegidos. Futuramente, a utilização de imagem de satélite e sensoriamento remoto deverão auxiliar na elucidação do nível de ameaça dos táxons, que possibilitará identificação de espécies foco para políticas públicas e ações de conservação e coletas. Além disso, comparações entre as informações obtidas e categorias da IUCN para elaboração das listas de espécies ameaçadas, irão permitir a correta identificação do risco de extinção das espécies.

Palavras-chave: Conservação, endemismo, flora capixaba, georreferenciamento, Mata Atlântica, Sapindales.

Biologia comparada de quatro isolados de *Xanthomonas albilineans* em condições *in vitro*

BONADIO, Dora T.; TURRINI, Paula C. G.; VAN SLUYS, Marie-Anne.

Xanthomonas albilineans é a bactéria responsável pela doença “escaldadura da folha” em cana-de-açúcar, que pode causar perda de produtividade. Diferentes cepas apresentam graus variados de agressividade da doença, porém as causas dessa variação ainda não estão bem elucidadas. Realizamos análises de crescimento *in vitro* de quatro isolados coletados no estado de São Paulo, dois com alto grau de agressividade da doença e dois com grau brando. Foram analisadas taxas de crescimento, produção de halo de inibição por produção da toxina albicidina e possível presença de bacteriófago exclusivo da linhagem mais agressiva, Xa11, através de microscopia eletrônica e técnica de dupla camada de ágar, para a visualização de placas de lise. A linhagem mais agressiva, Xa11, apresentou crescimento mais lento que as demais linhagens. Os dois primeiros caracteres não apresentaram correlação com o grau de agressividade da linhagem. Partículas foram observadas por microscopia eletrônica apenas na linhagem Xa11 e posteriormente, nas demais linhagens incubada com sobrenadante de Xa11. Não foi possível observar placas de lise.

Palavras chave: cana-de-açúcar; escaldadura da folha; fitopatologia; *Xanthomonas albilineans*

Identificação e caracterização de miRNAs e possíveis alvos em culturas embriogênicas de *Araucaria angustifolia*

YAZBEK, Mariana M.; OLIVEIRA, Leandro F.

Araucaria angustifolia é uma espécie arbórea brasileira de grande importância econômica e criticamente ameaçada em extinção, e por isso métodos alternativos para sua recuperação vêm sendo buscados. Neste cenário, a embriogênese somática mostra-se uma técnica interessante principalmente pelos estudos conduzidos do desenvolvimento embrionário através do sistema *in vitro*. Mecanismos de regulação gênica pós-transcricional têm sido identificados no transcriptoma e proteoma de *A. angustifolia*, sugerindo possíveis desbalanços na composição e atuação de miRNAs em linhagens celulares de diferentes potenciais embriogênicos. Os miRNAs são elementos regulatórios caracterizados como sequências não codificantes de *small RNAs* (sRNAs), sendo importantes atuantes no processo da embriogênese somática. Neste estudo, através da identificação e caracterização dos miRNAs e seus respectivos genes alvos, foi encontrada apenas uma única sequência precursora para o miR156, e três sequências para o miR160. Três possíveis alvos foram encontrados para o miR156: *AaSPL*, *AaKINESIN* e *AaABF*; enquanto para o miR160 foi identificado apenas o gene *AaARF* como alvo. A análise de expressão gênica demonstrou que os miRNAs possuem diferentes perfis entre as linhagens celulares responsiva e bloqueada. Durante a etapa de maturação da embriogênese somática, a presença de ABA no meio de cultura alterou o perfil de expressão dos miRNAs, principalmente na linhagem responsiva. Os resultados obtidos sugerem uma relação entre a expressão gênica dos miRNAs e o potencial embriogênico. Estes dados ajudarão na compreensão do envolvimento de regulações pós-transcricionais mediadas por miRNAs, e associados aos potencial embriogênico em *A. angustifolia*, assim como auxiliar na otimização das condições de cultivo *in vitro* para a embriogênese somática.

Palavras-chaves: coníferas, embriogênese somática, pinheiro-brasileiro, regulação pós-transcricional, small RNAs

O ABC da lignificação: busca por transportadores ABC potencialmente envolvidos na deposição de lignina em *Setaria viridis* (L.) P.Beauv

LIMA, Leydson G. A.; CESARINO, Igor

Apesar do conhecimento acerca da biossíntese dos monômeros de lignina, pouco se sabe sobre como esses monômeros são transportados do citoplasma para o apoplasto. Apenas um gene que codifica um transportador de um monolignol específico foi identificado e caracterizado na eudicotiledônea modelo *Arabidopsis thaliana*, pertencendo à subfamília ABCG da família de transportadores ABC. Portanto, existe uma lacuna no conhecimento do metabolismo de lignina no que tange ao transporte de monolignóis para a parede celular. Tal lacuna se torna ainda mais significativa em gramíneas, que apresentam particularidades na estrutura e composição da lignina não encontradas em eudicotiledôneas. Este projeto propõe caracterizar a subfamília ABCG de transportadores ABC e identificar seus respectivos membros potencialmente envolvidos no processo de lignificação na gramínea-modelo *Setaria viridis*. Foram encontrados 48 genes no genoma de *S. viridis*, separados em 7 grupos. Um total de 27 membros foram agrupados nos grupos G1-G6 (Half-size), enquanto o grupo G7 (Full-Size), composto por 21 membros, foi subdividido em 6 tipos. Os genes *SvABCGs* candidatos a desempenharem um papel na lignificação foram aqueles que: i) apresentaram padrão de expressão semelhante àquele dos genes biossintéticos de lignina em diferentes tecidos da planta; ii) apresentaram padrão de expressão semelhante àquele observado para genes biossintéticos de lignina no entrenó em processo de alongamento de *S. viridis*; iii) foram coexpressos com genes de parede secundária e lignina; e iv) apresentaram maior expressão relativa em tecidos em ativo processo de lignificação. Somente o gene *SvABCG17* cumpriu todos os pré-requisitos estabelecidos e foi considerado o melhor candidato para análises subsequentes. Foi realizado o experimento de hibridização *in situ*, que mostrou que o *SvABCG17* é expresso em tipos celulares lignificados (xilema, esclerênquima). Ensaios de transativação foram iniciados para avaliar a capacidade de fatores de transcrição ativarem a expressão do gene *SvABCG17*, porém não foram concluídos devido à pandemia.

Palavras-chave: lignina; monolignóis; *Setaria viridis*; transportador ABC.

O desafio de traçar políticas de conservação em uma vegetação naturalmente heterogênea: um estudo com os campos rupestres

PIZZARDO, Raquel C.; VASCONCELOS, Thais N. C.; PIRANI, Jose R.;
LUGHADHA, Eimear N.

A extinção de espécies em resposta a atividades humanas tem aumentado, tanto por conta das crescentes pressões antrópicas, quanto pelas mudanças climáticas. Considerando a urgência de conservação de espécies e a limitação de recursos, a priorização de áreas para a conservação é uma preocupação recorrente. Locais de grande biodiversidade são o foco de projetos, mas a conservação da história evolutiva também é um aspecto importante. Cadeias de montanhas têm chamado a atenção por englobar uma grande biodiversidade, principalmente na questão da riqueza de espécies de plantas e sua associação com radiações recentes e rápidas que ocorrem nessas regiões. Nesse projeto, pretendemos (1) avaliar o efeito de mudanças climáticas na distribuição e conservação de espécies endêmicas e (2) avaliar a conservação da história evolutiva de radiações rápidas e recentes, ambos objetivos com foco nos campos rupestres, um ecossistema associado a cadeias de montanhas no leste do Brasil (Cadeia do Espinhaço e Chapada dos Veadeiros), caracterizado pelo alto endemismo e riqueza. Para o primeiro objetivo, foi implementado o método de modelagem de distribuição de espécies para o presente e dois cenários futuros (2050 e 2070) e com o intuito de comparar duas biorregiões descritas para a Cadeia do Espinhaço (sul e norte), tendo como grupo modelo espécies endêmicas do gênero *Paepalanthus* (Eriocaulaceae). Para o segundo, o método EDGE (*Evolutionary Distinct and Globally Endangered*) e a diversidade filogenética (PD), que exibem a relação entre singularidade evolutiva, risco de extinção e riqueza de espécies por área, no clado *Chamaecrista* ser. *Coriaceae* (Fabaceae). Para *Paepalanthus* observamos grande perda de área de adequabilidade no futuro, beirando a extinção das espécies, além de que as preferências climáticas das espécies varia de acordo com as biorregiões. Para *Chamaecrista* nossos resultados mostram que os valores de EDGE para essas espécies são inferiores quando comparados a outros estudos e que as áreas com altos valores de PD não correspondem a áreas com altos valores de riqueza de espécie para esse grupo. Nosso estudo evidencia tanto a necessidade de conservação de campos rupestres quanto a carência de dados usando métodos explícitos de avaliação para seleção adequada de áreas a serem conservadas.

Palavras-chave: Cadeia de Montanhas; Diversidade Filogenética; EDGE; Modelagem de Distribuição de Espécies; Riqueza de Espécies.

Padrões biogeográficos e endemismo de Annonaceae na Mata Atlântica

MASTROCOLLA, Marília S.; LOPES, Jenifer C.

A família das Annonaceae é um grupo de plantas com flores amplamente distribuídas por todo o mundo. No Brasil há uma ampla distribuição de espécies dessa família, com a sua diversidade predominante nos biomas Mata Atlântica, Floresta Amazônica e Cerrado. O objetivo deste trabalho foi descrever o padrão de distribuição biogeográfico dessa família no bioma de Mata Atlântica, no intuito de compreender os padrões de endemismo das espécies de Annonaceae. Através da utilização de um banco de dados de ocorrência de indivíduos de diferentes espécies, observamos e refinamos os padrões de distribuição das espécies de Annonaceae, e analisamos as áreas de endemismo atuais, em comparação com a distribuição endêmica das plantas vasculares de acordo com Rull & Carnaval 2020 (2). No total, foram analisadas 70 espécies de Annonaceae através de 4.449 ocorrências. Foram observadas duas áreas de endemismo da família das Annonaceae, as regiões da Serra do Mar e Costa da Bahia. Pode-se dizer que a descrição das áreas de endemismo das Annonaceae é coerente com a descrição de Rull & carnaval 2020 para o endemismo de plantas lenhosas.

Palavras-chave: padrões biogeográficos, endemismo, Annonaceae, Mata Atlântica

Plasticidade morfo-fisiológicas em subespécies de *Portulaca oleracea*.

CRUZ, Bruna C., FRESCHI, Luciano; FERRARI, Renata C.

Portulaca oleracea é uma espécie conhecida há centenas de anos pelo seu potencial farmacêutico e nutricional, e hoje também é reconhecida no meio acadêmico pela sua habilidade de transitar entre os ciclos fotossintéticos C₄ e CAM, quando submetida a estresse hídrico. Além dessas características, a espécie apresenta distribuição cosmopolita e alta polimorfia entre suas subespécies. Analisando os atributos climáticos, o acúmulo de malato em estresse hídrico e atributos morfológicos como altura, peso, ramificações primárias e secundárias, distância da base e do ápice ao nó mais próximo, área foliar total, área foliar média, razão do formato da folha e suculência de 12 subespécies de localizações diferentes do globo, é possível verificar relações. A primeira delas é que todos os genótipos estudados acumulam mais malato em tratamento de seca, e a segunda é que esse acúmulo acontece em intensidades diferentes. Ou seja, a intensidade de CAM em cada uma é única, o que indica que há alguma característica particular que determina essa variação. Comparando esses dados com aqueles obtidos das análises morfométricas, não foi possível encontrar uma relação clara. Era esperado que as plantas com maior índice de suculência apresentassem uma taxa de CAM maior, uma vez que haveriam mais células e conseqüentemente mais enzimas PEPC e Rubisco. Entretanto, das subespécies com folhas mais suculentas, apenas *trituberculata* apresentou alta concentração de malato noturno em estresse hídrico. Os dados obtidos das demais características morfológicas também não indicaram correlação com a atividade CAM no tratamento de seca. Para maior compreensão dos dados, foi realizado um teste estatístico de PCA entre as subespécies, usando os atributos morfológicos e climáticos, e entre os atributos morfológicos. A maior correlação encontrada foi de 77%, agrupando as subespécies por localização, o que resultou no isolamento de *tuberculata*. O agrupamento dos atributos morfológicos indicou que suculência e ramificações secundárias são os atributos que menos se aproximam dos demais, enquanto os outros se agrupam em dois grupos. Após todas essas análises foi possível concluir que os atributos morfológicos estudados aqui não indicam correlação com a atividade CAM.

Palavras-chave: Fotossíntese C₄; Fotossíntese CAM; *Portulaca oleracea*; Subespécies;

Departamento de Ecologia

A bactéria endossimbionte *Wolbachia* protege moscas do gênero *Drosophila* contra DAV (vírus A de *Drosophila*)?

MARTINS, Arthur H. B.; COGNI, Rodrigo

Wolbachia é um gênero de bactéria da família Rickettsiaceae amplamente estudada devido a sua capacidade de manipular a reprodução de insetos. Recentemente, a descoberta de que essa bactéria é capaz de proteger os seus hospedeiros de infecções virais estimulou diversos pesquisadores a investigar sobre a ecologia desses seres vivos e aplicações da *Wolbachia* para controle biológico, a partir da infecção de insetos vetores de doenças. Este trabalho averiguou a capacidade de linhagens de *Wolbachia* de diferentes densidades intra-individuais em reduzir a carga viral do vírus de *Drosophila* A (DAV) em 3 diferentes espécies de drosofilídeos. Os resultados apontam que nenhuma das linhagens de *Wolbachia* foi capaz de reduzir a carga viral de DAV significativamente em *D. melanogaster* e *D. tropicalis*. Entretanto, em *D. baimaii*, a linhagem de *Wolbachia* natural desta espécie foi capaz de reduzir a carga viral de DAV significativamente em relação ao controle.

Palavras-chave: controle viral, DAV, *Drosophila*, mutualismo, *Wolbachia*

A influência da Palmeira-leque-da-China na regeneração da Floresta Ombrófila Densa Montana na Serra da Cantareira, SP

MANGOLINI, Tania Girão; ARZOLLA, Frederico A.R.D.P;
BRANDIMARTE, Ana Lúcia.

A invasão por espécies exóticas é uma das principais ameaças à biodiversidade, pois estas podem se tornar invasoras e alterar a composição e a estrutura dos ecossistemas invadidos. No Brasil, a maioria dos casos de invasões biológicas se deve a plantas terrestres, sendo a Floresta Ombrófila Densa a formação vegetal mais afetada, especialmente na região Sudeste do país. Nesse contexto, está o Parque Estadual da Cantareira – PEC. O PEC abriga um importante remanescente de Floresta Ombrófila Densa, predominantemente secundário, que apresenta focos de invasão por espécies exóticas de plantas, entre elas *Livistona chinensis* (N. J. Jacquin) R. Brown ex Mart., popularmente conhecida como palmeira-leque-da-China. Devido ao reconhecido potencial de invasão dessa espécie, foi conduzido um estudo florístico-fitosociológico para verificar o possível efeito de inibição da regeneração natural do componente arbóreo por indivíduos jovens de *Livistona chinensis*, com alturas de 3 e 6 m, abundantes na área de estudo. O estudo foi realizado na trilha da Figueira do Núcleo Pedra Grande. Para cada palmeira foram instaladas 8 parcelas de 1 x 1 m, distribuídas dentro de quatro quadrantes, em formato de cruz, tendo a estipe da palmeira ao centro, de forma que metade das parcelas ficaram localizadas embaixo da copa e metade ao redor. Na análise foram considerados os espécimes arbóreos e de palmeiras com altura ≥ 20 cm e com Perímetro à Altura do Peito - PAP ≤ 15 cm. Os resultados apontaram uma drástica redução do número de indivíduos regenerantes (28,95% e 29,85% dos indivíduos amostrados) e da riqueza de espécies (16,13% e 8,33% das espécies) ocorrendo sob a projeção das copas dessas palmeiras em comparação com o entorno delas (71,05% e 70,15% dos indivíduos e 61,29% e 58,33% das espécies, respectivamente). O estudo mostrou o efeito de inibição de indivíduos jovens da espécie exótica invasora *Livistona chinensis* sobre a regeneração florestal no Parque Estadual da Cantareira, ao reduzir substancialmente a riqueza de espécies e a abundância de indivíduos arbóreos sob a projeção das suas copas, possivelmente, por servirem de anteparo e causarem o sombreamento excessivo do local.

Palavras-Chave: Espécie exótica invasora; Sucessão ecológica; *Livistona chinensis*

Áreas Verdes Urbanas: Revisão Literária sobre o Tipo de Vegetação Utilizada em Parques, Jardins e Praças

LEITE, Tarsila C.; ALVES DOS SANTOS, Isabel

Com o aumento da urbanização e a redução das áreas verdes, tornou-se de extrema importância avaliar a forma de distribuição dessas áreas nos centros urbanos, já que a natureza promove diversos benefícios à população e ao meio ambiente. Essa pesquisa teve como objetivo realizar uma revisão bibliográfica sobre informações de áreas verdes urbanas do estado de São Paulo, além de apontar lacunas importantes de serem preenchidas em pesquisas futuras. A pesquisa se baseou majoritariamente em artigos publicados no Brasil. Os resultados indicam que as áreas verdes urbanas são mal distribuídas nos bairros da cidade de São Paulo e em diversas cidades do mesmo Estado. Regiões mais populosas e mais periféricas possuem menos áreas verdes, enquanto regiões menos populosas e mais ricas possuem várias praças e possibilidades de lazer ao ar livre. A revisão encontrou dados sobre custos de manutenção, implantação de parques e gramados, juntamente com os diversos benefícios promovidos por esses locais. Viu-se que os gramados geram custos e gastos com água que aparentemente não compensam suas vantagens, sugerindo que os gramados não sejam priorizados no momento de implantação de áreas urbanas. Porém, os reais custos associados com a irrigação, com corte de grama, com compra de mudas, entre outros não foram encontrados para o estado de São Paulo. Por fim, apresentamos dados sobre vegetações nativas, exóticas, arbustivas, herbáceas e de árvores em alguns parques urbanos do estado de São Paulo. Sugere-se que as lacunas encontradas sejam preenchidas em pesquisas futuras a fim de facilitar tomadas de decisão de políticas públicas futuras, além de apontar a necessidade de rever a presença majoritária dos gramados nos parques urbanos do estado de São Paulo.

Palavras-chave: diagnóstico ambiental urbano, espaços verdes urbanos, espécies vegetais utilizadas em cidades, gramados.

Biologia reprodutiva do Murucututu (*Pulsatrix perspicillata*) no Brasil, com o uso de dados da ciência-cidadã

PERAZZOLO, Isabela N.; TUBELIS, Dárius P.; MOTTA-JUNIOR, José C.

O murucututu é uma espécie de coruja da família Strigidae. Dados sobre seu período reprodutivo são escassos, não havendo estudos detalhados publicados sobre o mesmo no Brasil. Portanto, este trabalho teve como objetivo examinar aspectos da biologia reprodutiva de murucututus no Brasil, com ênfase no período reprodutivo e na variação entre os biomas nos quais a espécie ocorre. Analisamos 618 registros fotográficos no WikiAves e encontramos 68 imagens mostrando atividades reprodutivas. Quando dois ou mais registros de uma mesma categoria de desenvolvimento ocorreram no mesmo município e ano, escolhemos apenas uma fotografia, para evitar duplicatas. Dividimos as categorias de idade em: ovos, filhotes (A) com plumagem (plumagem branca, disco facial ausente ou acinzentado e asas pouco desenvolvidas), (B) com barriga branca (cabeça, barriga e peito brancos, disco facial preto, rêmiges escuras e bem desenvolvidas e coberteiras superiores das asas claras ou acinzentadas) e (C) com barriga bege (cabeça branca, podendo haver uma mancha negra na testa, barriga bege e peito marrom, rêmiges escuras e bem desenvolvidas e coberteiras superiores das asas marrons). A maioria dos 11 ninhos (82%) estava em paredões. Filhotes A foram registrados apenas dentro do ninho, já os filhotes B exploravam mais o ambiente ao redor, sendo registrados em galhos e no solo, corroborando os dados da literatura de que os filhotes deixam o ninho após aproximadamente seis semanas. Filhotes C foram registrados apenas em galhos. Também observamos que o cuidado parental diminui da categoria A para a categoria B. No Cerrado, os registros de ovos se concentraram principalmente entre agosto e outubro, da categoria A entre setembro e novembro, da B, entre agosto e janeiro, e da C, entre março e abril. Na Amazônia, os registros da categoria B se concentraram principalmente entre junho e dezembro, e da C, entre agosto e fevereiro. Apesar deste pico sazonal, na literatura encontramos que muitas espécies de aves nidificam em quase qualquer mês na Amazônia. Com isso, este estudo sugere que o período reprodutivo da espécie ocorre mais tarde no Cerrado do que na Amazônia, talvez devido à marcada sazonalidade climática do Cerrado.

Palavras-chave: Biomas, ciência-cidadã, *Pulsatrix perspicillata*, reprodução.

Diversidade de dieta de aves e a estrutura das redes de limpeza entre aves e mamíferos da América do Sul e da África

ACQUAVIVA, Julia N.; GUIMARÃES JR., Paulo R..

As Interações de limpeza são associações ecológicas interespecíficas em que as espécies limpadoras se beneficiam das espécies hospedeiras, se alimentando de parasitas, pele morta ou sangue dos hospedeiros. No mundo todo, existe uma ampla diversidade de aves que exibem esse comportamento de limpeza em grandes mamíferos, mas a maioria se concentra na América do Sul e na África. Neste trabalho nós investigamos quais fatores estão envolvidos no oportunismo dessas interações facultativas, e qual a organização estrutural dessas comunidades ecológicas. Mais especificamente, investigamos se a diversidade de dieta influencia no engajamento dessas interações, e se a diversidade de dieta também influencia na centralidade das redes ecológicas das interações de limpeza da África e da América do Sul. Usamos duas redes de trabalhos anteriores, uma da América do Sul e outra da África, para explorar a relação entre o generalismo da dieta e o comportamento de limpeza. Primeiro, contrastamos a diversidade da dieta de espécies limpadoras (identificadas nas redes) com suas espécies aparentadas, comparando a diversidade de dieta média da família (sem as espécies limpadoras) com a diversidade de dieta das limpadoras daquela família. A diversidade de dieta foi identificada utilizando o índice de diversidade de Shannon e o banco de dados Elton Traits que relaciona recursos consumidos por espécies de aves. Em 18 das 26 famílias de aves analisadas, os limpadores apresentaram maior diversidade na dieta do que as espécies não limpadoras. Em seguida, exploramos se as espécies de pássaros generalistas são as espécies centrais das redes de limpeza das duas localidades. Para isso, foi feita uma regressão linear entre os valores de diversidade de dieta e o número de espécies hospedeiras visitadas (centralidade de grau). Os resultados mostram que não há correlação entre a centralidade de grau das espécies nas redes e a diversidade de suas dietas. Provavelmente o generalismo permite que espécies oportunistas se envolvam em interações de limpeza, mas a importância de uma espécie limpadora é afetada por outros atributos, como abundância ou adaptações comportamentais.

Palavras-chave: Oportunismo, Interações de limpeza, Aves, Mamíferos, Redes ecológicas

Fecundidade, germinação de sementes e crescimento de plantas de *Callianthe rufinerva* (Malvaceae) sob distintos regimes de polinização por vertebrados.

MALHEIROS, Caio L. A. ; BUZATO, Silvana

Beija-flores e morcegos são vetores de pólen importantes para polinização na região neotropical. A maioria dos trabalhos discute especialização e generalização de plantas aos vetores com base na eficiência do polinizador, mas entende-se que essa abordagem mede parcialmente o fitness da planta, sendo necessário estudar a produção diferenciada de progênie a fim de estabelecer relação direta entre diferentes regimes de polinização e sucesso reprodutivo. Portanto, procuramos medir variações na fecundidade, germinação de sementes e crescimento de plantas *Callianthe rufinerva* (Malvaceae) sob distintos regimes de polinização por vertebrados. Foi realizada a exposição seletiva de flores da *C. rufinerva* a três regimes de polinização: grupo de flores polinizadas por morcegos (noite), por beija-flores (dia) e controle (grupo dia-noite) expostas a ambos os vetores. Após o período reprodutivo das flores elas foram ensacadas para coleta dos frutos e sementes. Para cada grupo foi medido: quantidade de flores que se desenvolvem em frutos; contagem de sementes; massa média das sementes formadas em cada fruto. Em laboratório foi realizado o plantio das sementes e medida a taxa de germinação. Foram selecionadas 10 sementes por tratamento para cada planta e as plântulas foram consideradas germinadas quando parte dela rompia a barreira do solo. As medidas de crescimento foram retiradas a cada 4 dias por um período de 76 dias, resultando em 19 medidas de crescimento para cada planta germinada. Para análise dos dados foram ajustados Modelos Lineares Mistos Generalizados com planta como fator aleatório e tratamento como fator fixo, com as distribuições utilizadas de forma adequada às variáveis respostas. Encontramos diferença entre tratamento quanto a frutificação, quantidade de semente por fruto e flor, isso era esperado, já que há diferença de quantidade de pólen carregada e transferida pelos vetores envolvidos. Apesar da variação inicial no fitness materno de *C. rufinerva*, o regime de polinização diferenciado parece não explicar a diferença no recrutamento de novos indivíduos. Entendemos que, para este sistema, há contribuição significativa aparente de ambos polinizadores que geram sementes e novas plantas com qualidades parecidas. O que nos leva a crer que as flores de *C. rufinerva* parecem apresentar estabilização nas características intermediárias da síndrome de polinização.

Impactos no estoque de carbono radicular causados pela substituição de cerrado nativo por pastagens, em São Paulo, Brasil

FERREIRA, J. F., PIVELLO, Vânia R.

Serviços ecossistêmicos são funções ecossistêmicas que têm potenciais de gerar benefícios aos seres humanos. Um ecossistema pode sequestrar ou emitir carbono para a atmosfera e isso se relaciona ao serviço de regulação do clima, uma vez que maiores quantidades de carbono na atmosfera levam a uma intensificação do efeito estufa e, conseqüentemente, do aquecimento global. No Brasil a maior causa de emissão de carbono é a agricultura e o desmatamento e, seu segundo maior bioma, o cerrado, tem cerca de 25% da sua área transformada em pasto. No cerrado, grande parte da biomassa está nas raízes, assim o objetivo deste estudo foi comparar a capacidade de dois sistemas de estocar carbono em suas raízes: ambiente nativo de cerrado e ambiente em que a vegetação nativa foi substituída por pastagem. Para tal, foram coletadas raízes de cerrado e pasto até 2m de profundidade em dois municípios de São Paulo: Itatinga e Angatuba. As raízes coletadas foram secas, pesadas e suas quantidades de carbono estimadas como sendo 43% da biomassa seca. Os resultados mostraram que ambos os cerrados possuíam maiores valores de biomassa e carbono radiculares em comparação aos pastos. Os valores de biomassa e carbono foram maiores nas camadas mais superficiais do solo do que nas camadas mais profundas. Por fim, a diferença dos valores de biomassa e carbono entre cerrados e pastos foi mais expressiva para raízes grossas do que finas (raízes com diâmetros $\geq 2\text{mm}$ e $< 2\text{mm}$, respectivamente). A conclusão deste trabalho é que é favorável a interpretação de que o cerrado tem uma maior capacidade em estocar carbono radicular do que o pasto, de forma que a mudança do uso de solo de cerrado para pasto favorece a emissão de carbono para a atmosfera.

Palavras-chave: cerrado, estoque de carbono, mudança de uso do solo, pasto, raiz.

Meliponários na região metropolitana de São Paulo

MINANTE, Dorivania; SANTOS, Isabel; ARENA, Mariana

As abelhas são extremamente importantes para a manutenção do serviço ecossistêmico e estão sofrendo cada vez mais com as mudanças no habitat, ocasionando grande declínio populacional em diversas espécies. As abelhas nativas sem ferrão do Brasil, chamadas de Meliponíneos, apresentam cerca de 300 espécies no país e são criadas há séculos por povos tradicionais, sendo que essa atividade (chamada meliponicultura) vem ganhando adeptos no estado de São Paulo nos últimos anos. O trabalho teve como objetivo inventariar os meliponários da região metropolitana de São Paulo, consultando 77 meliponicultores de diversos municípios para saber quais espécies e quantas colmeias mantêm. Essa consulta foi realizada com a ajuda de associações e sites sobre abelhas sem ferrão, além do uso das redes sociais *Whatsapp*, *Instagram* e *Facebook* para obter os dados com os criadores. Os dados foram posteriormente organizados e interpretados com ajuda do *Excel* e as figuras elaboradas em *Power Point*. Em relação aos resultados obtidos, metade dos criadores possuem no máximo 10 colmeias. Foram identificados 13 gêneros de abelhas sem ferrão nos meliponários consultados e o gênero com maior riqueza de espécies foi *Melipona*, com 10 espécies identificadas nesses locais. Já as duas espécies mais recorrentes nos meliponários foram: *Tetragonisca angustula* e *Melipona quadrifasciata*.

Palavras chave: Conservação, ambiente urbano, Jataí, Mandaçaia, Meliponicultura.

Qual a influência da hierarquia competitiva na estruturação de comunidades de plântulas em uma floresta tropical?

OLIVEIRA, Larissa L.; MARTINI, Adriana M. Z.

Plântulas provenientes de sementes maiores são associadas às melhores competidoras, dado que suas plântulas possuem maiores taxas de sobrevivência durante o recrutamento em comparação com plântulas de sementes menores. As maiores sobrevivências podem estar relacionadas com o fato de sementes maiores possuírem maiores reservas energéticas e suas plântulas dependerem menos das condições ambientais externas. O objetivo deste estudo foi estimar o quanto um modelo de hierarquia competitiva, baseado no tamanho e co-ocorrência das sementes, explica a estrutura da comunidade de plântulas observada em campo. O estudo foi conduzido em uma Floresta de Restinga localizada em Caraguatatuba (SP). Os dados de chuva de sementes foram utilizados para criar uma previsão sobre a comunidade de plântulas que seria formada a partir dessas sementes (*ranking* esperado de frequência de plântulas). Essa previsão foi comparada com o *ranking* real de frequência de plântulas, obtido a partir dos dados de inventário de plântulas utilizando o teste de correlação de Kendall. Foram encontrados alguns valores positivos de correlação, embora não significativos, indicando que existe uma concordância parcial na posição de algumas espécies entre os *rankings* esperado e real. Por outro lado, grande parte dos valores de correlação foram negativos, indicando que as espécies de plântulas que mais se estabelecem são provenientes de sementes que poucas vezes seriam bem-sucedidas em função do tamanho da semente ou são provenientes de sementes pouco frequentes. Portanto, nossos resultados sugerem que a hierarquia competitiva, baseada no tamanho e co-ocorrência das sementes, não é o processo predominante na estruturação da comunidade de plântulas, ou seja, o tamanho da semente e a vizinhança competitiva não estariam definindo todas as espécies que se estabelecem nessa comunidade de plântulas. Contudo, os resultados devem ser interpretados com cautela, uma vez que o número de espécies identificadas em comum entre sementes e plântulas foi baixo (n=18 espécies analisadas). Para estudos futuros, seria interessante testar esse modelo de hierarquia competitiva usando um conjunto maior de espécies identificadas e em outros locais com condições ambientais e composição de espécies distintas.

Palavras chave: competição, tamanho de sementes, trade-off.

Recategorização, Redução e Extinção de Áreas Protegidas: uma revisão da literatura

JEREZ, Daniela Malheiros; PARDINI, Renata

Áreas protegidas são espaços geográficos definidos, reconhecidos, dedicados e geridos para conservação da natureza no longo prazo, com os serviços ecossistêmicos e valores culturais associados. A criação dessas áreas é uma estratégia reconhecida e adotada mundialmente para a conservação há mais de um século. Recentemente, porém, esses espaços têm sofrido diversas ameaças que colocam em risco a conservação, entre elas a recategorização, redução e extinção de áreas protegidas (PADDD - *protected area downgrading, downsizing and degazettement*), que consiste em processos de alteração normativa que diminuem o grau de proteção ambiental das áreas protegidas já instituídas. Dada a relevância e abrangência global do fenômeno, o presente estudo tem como objetivo analisar, organizar e sintetizar as informações geradas em artigos científicos sobre o PADDD, a partir de uma revisão sistemática da literatura. Os resultados mostram que os estudos são recentes e realizados em poucos países, sendo o Brasil o país mais estudado. Embora os estudos tenham sido realizados principalmente no sul global, a maioria ainda é conduzida por autores do norte global. Em que pese a maioria deles reconhecer que o PADDD é um fenômeno complexo, influenciado por fatores políticos, sociais, econômicos entre outros, quase a totalidade dos estudos está associada a abordagens mais disciplinares dentro das ciências ambientais e aborda recortes territoriais relativamente restritos. A maioria tem como principais objetivos analisar as causas ou fatores associados ao PADDD, enquanto preditores ou as consequências desse processo – e formas de evitar e governança – foram menos abordados. As principais causas aproximadas que impulsionam os PADDD são demandas pela implementação de projetos de infraestrutura, pelo uso e ocupação da terra e pela expansão da exploração de recursos naturais em larga escala. As principais lacunas identificadas se relacionam à falta de transparência e fonte de dados, à compreensão das interrelações entre preditores sociais, econômicos, políticos e ambientais e causas aproximadas dos PADDD, e às consequências cumulativas e de longo prazo dos PADDD. Os resultados dão luz ao fato de que as áreas protegidas são dinâmicas e a resiliência desses espaços depende de novas visões de conservação por parte da ciência e dos tomadores de decisão.

Palavras-chave: desafetação; PADDD; reclassificação; unidades de conservação.

Revisitando a técnica de análise da transpiração foliar pelo método de “Pesagem Rápidas”. Emprego de balanças portáteis de alta resolução para reutilização do método com fins didáticos.

HERINGER, H ; MEIRELLES, S.T.

A análise da resposta estomática é considerada uma abordagem fundamental para a compreensão do padrão de uso de recursos pelas plantas terrestres, não só em relação à transpiração e balanço hídrico, mas também a caracterização da resposta a fatores limitantes como luz, dióxido de carbono e inclusive variações de temperatura e umidade relativa do ar do microclima no qual a planta está inserida. As técnicas consideradas como padrão para medição da transpiração foliar nem sempre estão ao alcance dos recursos didáticos, seja pelo alto valor dos equipamentos ou pela dificuldade de levá-los à campo. O método de “pesagens rápidas” tem um potencial didático que pode ser explorado para demonstração do controle da transpiração diante da variação da demanda atmosférica e do acesso à água do solo que a planta experimenta ao longo do dia. Esta metodologia se baseava na medição gravimétrica da água transpirada através de pesagens rápidas da folha. Para isso, utilizava uma balança de torção como instrumento de pesagem, sendo possível, para o mesmo fim, a utilização de aparelhos digitais de alta precisão e acurácia. Neste estudo foi feita uma adaptação de uma balança eletrônica para ser utilizada como recurso didático na demonstração da transpiração. O teste da balança adaptada foi feito a partir da execução da metodologia de pesagens rápidas e os valores de transpiração normalizados por área foliar foram comparados aos valores obtidos com a balança de torção. O andamento diário da transpiração em *Plantago major* e os resultados foram comparados à literatura. Os resultados de transpiração obtidos na balança eletrônica adaptada e na balança de torção foram coerentes, assim como o andamento diário da transpiração observado em *Plantago major*. Os resultados obtidos permitem indicar a aplicação de balanças eletrônicas adaptadas ao método de pesagens rápidas como recurso didático no ensino.

Palavras-chave: “Pesagens Rápidas”. Recurso Didático. Transpiração.

Sensoriamento Remoto orbital na estimativa de fitomassa aérea verde

RICO, Matheus T.; BITENCOURT, Marisa D.

Os ecossistemas florestais, sobretudo os tropicais, exercem um papel importante no ciclo de carbono global. O Sensoriamento Remoto Orbital é uma técnica que consegue de maneira indireta realizar estimativas a respeito desse ciclo em grandes extensões de áreas, reduzindo os custos da técnica tradicional de cálculo de biomassa que consiste em obtenção de métricas florestais de campo. Para a elaboração desse trabalho, foi realizada uma pesquisa sistemática de publicações científicas em agregadores de conteúdo como o banco de dados Scopus, Google Scholar e o banco de teses da CAPES e da Universidade de São Paulo (USP). Foram utilizados termo em inglês e português sobre o assunto como: “sensoriamento remoto” “biomassa aérea” “equações alométricas” e “cálculo de biomassa”, selecionando as publicações mais relevantes e aderentes ao tema. Os resultados demonstram um aumento nas publicações nos últimos anos, sugerindo uma maior aceitação e interesse na técnica, além de seu dinamismo e evolução. Com o aumento da capacidade de processamento e a integração de diferentes tipos de sensores, novas técnicas de modelagem estão surgindo, trazendo novas áreas que precisam ser exploradas, principalmente aquelas relacionadas com modelos não-paramétricos e a integração multisensor. Por conta disso, esforços são necessários na obtenção de dados, na elaboração de modelos mais robustos e na validação desses modelos.

Palavras-Chave: Carbono, Fitomassa, Sensoriamento Remoto

Uma comparação entre tipologias de relações humano-natureza propostas em ciência da conservação

PRADO, Nina; PARDINI, Renata

As relações humano-natureza (RHN) tratam do conjunto de crenças que indivíduos possuem sobre sua relação com o meio mais-que-humano, atravessadas por fatores individuais e culturais. Seu estudo pode contribuir para mediação de conflitos, conservação da diversidade biocultural e alavancagem de mudanças socioambientais. Tipologias, que organizam a complexidade de fenômenos sociais a partir de dimensões, cuja combinação compõe tipos, podem ser um recurso apropriado para investigar as RHN. Realizar uma revisão conceitual de tipologias de RHN propostas em ciência da conservação, comparando-as quanto a seu contexto de desenvolvimento, área do conhecimento, método de construção, dimensões e tipos propostos. Nove tipologias foram selecionadas a partir da revisão de Flint (2013). Seu ano de publicação, país das instituições dos autores, número de citações, área do periódico original e dos que mais a citam foram coletados da plataforma Scopus. O método de construção foi classificado como dedutivo ou indutivo, quantitativo ou qualitativo (se aplicável), e ancorado ou não em um contexto socioambiental específico. As dimensões e tipos que se repetiram em mais de uma tipologia foram elencados e sistematizados. A maioria das tipologias provém dos EUA e Europa, e essas são também as mais citadas. Cada tipologia é mais citada dentro de uma subárea específica da ciência da conservação. Há uma associação entre tipologias dedutivas, quantitativas e baseadas numa ideia genérica de natureza, e entre as indutivas, qualitativas e ancoradas em contexto. Oito dimensões foram sintetizadas, agrupadas em quatro domínios: concepções sobre a natureza (posicionalidade e entendimento da natureza), interações com a natureza (objetivos e tipos de interação), ética (valores da natureza e responsabilidade/direitos), e relacionalidade (afetividade e identidade). Dez tipos foram sintetizados, sendo oito predominantemente ocidentais (dominação, uso, apatia, intelectual, estética, guarda, manejo e participação afetiva) e dois não-ocidentais (devoção e reciprocidade ativa). As dimensões e tipos são razoavelmente consistentes entre diferentes tipologias. Há um viés sociogeográfico e metodológico que prioriza visões ocidentais de RHN. É necessário abrir espaço para perspectivas não-ocidentais, e abordagens indutivas-qualitativas podem contribuir para isso. A multiplicidade de concepções e a transdisciplinaridade são as principais fronteiras atuais para a área.

Palavras-chave: ciência da conservação; dimensões; relações humano-natureza; revisão conceitual; tipologias.

Uso das imagens produzidas pelo programa DETER-B na análise da configuração do desmatamento na Amazônia Legal: um estudo de caso

LUCENA, Natalino M.; BITENCOURT, Marisa D.

A intensificação do processo de desmatamento da Amazônia exige que a sociedade brasileira elabore ferramentas que nos auxiliem na compreensão e na elaboração de soluções para combater este problema. Neste sentido, há anos o Instituto Nacional de Pesquisas Espaciais (INPE) desenvolve programas, baseados em técnicas do sensoriamento remoto, como o DETER-B, que permitem o monitoramento da região a partir de alertas diários de alteração da cobertura vegetal. Desta forma, o estudo objetivou analisar o desmatamento no Estado do Pará entre 2019-2020, a partir de dados de monitoramento da floresta, com o intuito de entender a orientação atual do desmatamento no Estado e os fatores associados a esta dinâmica. Para alcançar estes objetivos, foram utilizados dados de *shapefiles* referentes aos polígonos de desmatamento do Estado fornecidos pelo projeto DETER-B. Estes polígonos foram transformados em pontos e foi estabelecido uma vizinhança circular de 30 km em torno de cada ponto, e, posteriormente, estimado as densidades de desmatamento a partir do método de densidade *Kernel*, que resultou em cinco classes de densidades de pontos de desmatamento, que foram sobrepostas ao mapa do Estado. Com isso, podemos observar que a mesorregião do Sudoeste Paraense concentra a maior parte das manchas de desmatamento de “**alta**” e “**muito alta**” densidade. Sendo que a sua porção central, onde estão localizadas a maior parte das Unidades de Conservação (UC) e as Reservas Indígenas (RI), apresenta uma menor densidade de polígonos de desmatamento. Por outro lado, parte destas manchas, também podem ser observadas na periferia de UCs ou RIs, associadas, principalmente, as rodovias BR-163 e a BR-230. Desta forma, observamos que o desmatamento no Estado do Pará está concentrado principalmente em sua porção Sudoeste, tendo como causa principal o avanço da agropecuária e da mineração e as rodovias federais como facilitadoras deste processo. Além disso, também observamos que as UCs e as RIs servem como elementos de contenção do avanço do desflorestamento da região, apesar de também observarmos manchas de desmatamento de grandes concentrações sobre essas áreas, evidenciando, que elas, por si só, não serão capazes de conter o avanço do desmatamento no longo prazo.

Palavras chaves: Amazônia, densidade de Kernel, desmatamento, DETER-B, Pará

Departamento de Fisiologia

Tétano cardíaco: a pressão intraventricular simulada via autômato-celular

SILVA, Vitor R.; CHAUI, José G. S.

O potencial de ação de uma célula muscular cardíaca difere daquele das células musculares esqueléticas por apresentar um período de despolarização prolongado. A hipótese vigente afirma que tal perfil de despolarização foi selecionado, ao longo da evolução, por ser capaz de evitar a reentrada do sinal eletroquímico e o consequente estado de permanente contração, o tétano cardíaco. Buscamos encontrar evidências, no entanto, para sustentar outra hipótese: tal perfil de despolarização teria sido selecionado por permitir a concomitância da contração cardíaca, maximizando a geração de pressão e decorrente fluxo sanguíneo. Através da elaboração de um modelo matemático que descreve a propagação do sinal eletroquímico pelo miocárdio, assim como a conversão de tal sinal em pressão mecânica; e da implementação do modelo à um simulador, construído em Python, baseado no conceito de autômato-celular, diversos testes foram realizados, nos quais variáveis como frequência cardíaca e duração do potencial de ação foram isoladas e os efeitos de suas variações analisados. Para a extração de dados do simulador, foram implementados métodos para acompanhar a progressão temporal da pressão intraventricular, nível de contração celular, tanto localmente como em todo o miocárdio, e o equivalente à um eletrocardiograma, permitindo acompanhamento das ondas eletroquímicas. Os resultados demonstraram uma clara correlação entre a duração do potencial de ação e a capacidade do músculo cardíaco de gerar pressão ejetora, sendo que em casos de potenciais de ação muito curtos, semelhantes aos observados em músculos esqueléticos, sequer ocorre a transmissão de sinal entre as células musculares. Outra observação foi o surgimento de tétano parcial, momento no qual a pressão ventricular não retorna ao mínimo, quando se tem o período de um batimento cardíaco muito próximo à duração do potencial de ação. Não ocorreu em nossos testes nenhum caso de reentrada do sinal, não nos permitindo tirar conclusões acerca da capacidade do perfil de despolarização de impedir tal fenômeno. Obtivemos, portanto, fortes evidências da importância do perfil particular do potencial de ação das células do miocárdio para a capacidade cardíaca de ejeção, devido à concomitância da contração de células de diferentes pontos do órgão.

Palavras-Chave: Batimento; Coração; Despolarização; Potencial de Ação; Simulação.

*Departamento de
Genética e Biologia
Evolutiva*

Análise da interação entre retículo endoplasmático e mitocôndria em modelo celular da doença de alzheimer

VEIGA, Caio J. M.; FERRARI, Merari F. R.

A homeostase de organelas intracelulares, como o retículo endoplasmático (RE) e as mitocôndrias, é prejudicada durante o desenvolvimento da doença de Alzheimer. A fragmentação do RE pode ser identificada antes da disfunção neuronal e leva a prejuízos significativos na síntese de proteínas e homeostase do cálcio. As mitocôndrias interagem com o RE e juntos são responsáveis por importantes funções celulares, mas nas fases iniciais da doença de Alzheimer ocorrem alterações na membrana de contato entre o retículo endoplasmático e a mitocôndria que induzem a disfunção metabólica e a formação de proteínas tóxicas em números mais elevados. Diante dessas evidências, a hipótese do presente projeto é de que, durante o desenvolvimento da neuropatologia, há alteração precoce da morfologia do retículo endoplasmático e das mitocôndrias em neurônios, bem como alteração no contato entre as duas organelas. O objetivo foi contribuir para a elucidação dos processos iniciais que desencadeiam as lesões neuropatológicas da enfermidade. O estudo foi inicialmente realizado em cultura de células do hipocampo de camundongos modelos da doença de Alzheimer, e posteriormente em neurônios derivados de células N2a com expressão de Tau mutante P301L, por meio da utilização de sondas fluorescentes específicas para mitocôndria e RE e análise das organelas na microscopia confocal de fluorescência. Durante o andamento do projeto o aluno aperfeiçoou diversas metodologias da área, como boas práticas e técnicas laboratoriais, PCR e eletroforese, cultura primária do hipocampo de camundongos, cultura e diferenciação de células N2a, marcações com sondas e imunocitoquímica, e análise de imagens da microscopia confocal. Também demonstrou empenho intelectual com apresentação de artigos da área, participação de congresso internacional, publicação de artigo de revisão, e realização de minicurso no Curso de Férias em Genética e Evolução 2021 do IBUSP. Devido a problemas com a linhagem de camundongos modelo, foi proposta a realização do projeto em células N2a, e os experimentos ainda estão em andamento.

Palavras-chave: Neurodegeneração, cultura celular, fluorescência, sítios de contato.

Análise das Isoformas da Miosina Durante a Miogênese "*in vitro*", no Músculo Normal e Distrófico

SANTOS, Gabriella A. C.; VAINZOF, Mariz; RIBEIRO JUNIOR, Antonio F.

O músculo estriado esquelético, formado pelas miofibras, é um tecido especializado em realizar contrações voluntárias, devido à presença de proteínas contráteis em seu interior, como a actina e a miosina. As miosinas, constituintes de uma grande família multigênica de proteínas motoras, apresentam-se sob diversas isoformas, como a de desenvolvimento, neonatal, lenta (*slow*) e rápida (*fast*), que são expressas em diferentes estágios do desenvolvimento e crescimento muscular. O músculo estriado esquelético também possui uma alta capacidade de regeneração após sofrer uma lesão, graças à presença das células satélites, importantes também durante a miogênese (processo de formação dos músculos). Entretanto, em um músculo afetado por alguma distrofia muscular, como a Distrofia Muscular de Duchenne, por exemplo, o ciclo de regeneração após sofrer uma lesão não ocorre corretamente, acarretando na morte das fibras musculares, e em sua substituição por tecido adiposo, fibroso e por células inflamatórias. Nesse projeto, o processo de miogênese "*in vitro*" foi estudado comparando-se mioblastos e miotubos de indivíduos normais e de indivíduos portadores da Distrofia Muscular de Duchenne, a fim de identificar-se a cronologia de aparecimento e os tipos de isoformas da proteína miosina, estabelecendo parâmetros de diferenciação muscular, através de bons marcadores. Ainda, procurou-se compreender melhor possíveis alterações na miogênese "*in vitro*" do músculo distrófico. Através do cultivo de quatro linhagens celulares imortalizadas, sendo duas de indivíduos normais e duas de indivíduos portadores de DMD, e da posterior realização de reações de imunofluorescência, em que testou-se, além das quatro isoformas da miosina citadas, também o anticorpo contra a proteína marcadora da banda Z de sarcômero, Alfa-Actinina, chegou-se às conclusões de que as isoformas da miosina de desenvolvimento e neonatal sinalizam o início da diferenciação muscular; de que o melhor marcador para estudos envolvendo diferenciação, entre as miosinas lenta e rápida, é a miosina lenta; e de que a Alfa-Actinina não mostrou-se eficaz em estudos envolvendo miogênese mais tardia. Pôde-se concluir, também, que a expressão das miosinas foi similar, tanto nas linhagens normais quanto nas linhagens DMD, indicando um padrão de diferenciação muscular similar entre estes diferentes tipos celulares.

Palavras-chave: Distrofias musculares, "*in vitro*", isoformas, miogênese, miosina.

Análise de penetrância reduzida de variantes patogênicas em genes clinicamente relevantes em idosos saudáveis

BARDELLA, Mariana U; NASLAVSKY, Michel S.

Com o avanço das técnicas de Sequenciamento de Nova Geração, novas variantes associadas a doenças de herança Mendeliana têm sido descobertas a um ritmo acelerado. A classificação dessas variantes ajuda no diagnóstico molecular das doenças genéticas e é auxiliada pelos padrões e diretrizes da ACMG. Entretanto, a penetrância incompleta dessas variantes não é diretamente levada em consideração, mesmo sabendo-se que o background genético a influencia por meio de polimorfismos que variam entre pessoas e ancestralidades. Alguns estudos já demonstraram que a penetrância reduzida parece estar associada a um contexto genético não-europeu e miscigenado. Assim, por meio da análise de uma coorte de idosos saudáveis não-aparentados de uma amostra representativa da cidade de São Paulo, foi testada a hipótese de que os portadores não-penetrantes de variantes associadas a genes de herança dominante, classificadas como patogênicas pelo ClinVar e previamente classificadas como penetrância incompleta (Naslavsky *et al*, 2020 - pré publicação), seriam mais miscigenados, e portanto menos europeus, que os não-portadores dessas variantes. Além disso, foi feita uma análise por curadoria manual para busca de indicativos de penetrância incompleta na literatura, e de estudos funcionais para confirmação de deleteriedade da variante. Aproximadamente 50% das variantes analisadas apresentaram alguma evidência de penetrância incompleta e cerca de $\frac{2}{3}$ das variantes possuem estudos funcionais corroborando algum grau de deleteriedade em nível molecular. A ancestralidade global média foi calculada para os grupos de portadores e não-portadores de variantes não-penetrantes e um cálculo estatístico foi feito para comparação das médias. A diferença entre as ancestralidades europeia, africana, leste-asiática e nativo-americana não foi significativamente diferente entre os dois grupos na maioria dos casos, e quando foi, demonstrou que os não-portadores eram mais “não-europeus” que os portadores de não-penetrantes. Apesar deste resultado, não é possível desconsiderar a hipótese de que a ancestralidade local dos possíveis polimorfismos compensatórios das variantes patogênicas em questão seja não-europeia, mesmo que isso não seja observável pelas médias globais. Estudos como o SABE e o DNA do Brasil contribuem para a anotação de variantes não presentes em outros bancos de dados internacionais, que podem ajudar a elucidar o mecanismo de não-penetrância em populações miscigenadas.

Palavras-chave: ancestralidade, doenças monogênicas, penetrância incompleta

Avaliação da deficiência de TBCK, responsável pela síndrome neurodegenerativa IHPRF3, na via de diferenciação neuroglutamatérgica

RAMOS, Igor C.; VARELLA-BRANCO, Elisa;
PASSOS-BUENO, Maria R.

TBCK (*TBC1 domain-containing kinase*) é responsável por codificar uma proteína quinase associada a transporte de vesículas, crescimento e proliferação celulares, organização do citoesqueleto de actina, regulação da via mTOR, tumorigênese e supressão de tumor. Mutações em TBCK que culminam em proteína truncada ou que afetam o domínio TBC1 são causativas da síndrome da Hipotonia Congênita com Retardo Psicomotor e Características Faciais do tipo 3 (IHPRF3). Dados da literatura apontam para suposta atividade GAP (*GTPase-activating protein*) de TBCK sobre proteínas da família Rab, associadas ao transporte de vesículas. Resultados prévios do nosso grupo demonstraram que neurônios obtidos a partir de células iPS de pacientes com IHPRF3 apresentam alterações morfológicas, acúmulo de proteínas pré-sinápticas no soma e aumento na expressão de PAX6, um fator de transcrição conservado e essencial para a corticogênese, em comparação com controles. PAX6, TBR2 e TBR1 são parte de uma cascata de fatores de transcrição importantes para a neurogênese glutamatérgica. Dessa forma, hipotetizamos que a deficiência de TBCK pode estar associada à desregulação da via de neurodiferenciação cortical. Para testar tal hipótese, avaliamos a expressão de TBCK e de marcadores do neurodesenvolvimento (*TBR1, TBR2, PAX6, FEZF2, SOX1, SOX2, HES1 e DLL1*) por RT-qPCR em amostras de células tronco neurais (NSCs) e neurônios derivados de iPSC de pacientes (n = 2) e controles (n = 3). Foi encontrada menor expressão de *FEZF2* em NSCs de pacientes (p = 0.002). Observamos também tendência a maior expressão de PAX6, TBR1, TBR2 e *FEZF2* em neurônios derivados de pacientes. Durante a cultura celular, observamos maior proliferação e morte celular nas placas das pacientes. Avaliamos tais parâmetros com os ensaios de EdU e Annexin+7-AAD, nos quais não foi encontrada diferença significativa entre neurônios de pacientes e controles. É possível que a maioria das análises não tenha atingido significância estatística por conta do baixo número amostral. Nossos resultados sugerem que há alteração na neurogênese *in vitro* de células TBCK-deficientes. A partir destes resultados, esperamos auxiliar na compreensão da função de TBCK e contribuir com a elucidação dos mecanismos moleculares subjacentes de síndromes como a IHPRF3.

Palavras-chave: IHPRF3, neurodesenvolvimento, PAX6, TBCK

Caracterização bioquímica e cinética da proteína BsYmaD, uma peroxidase de *Bacillus subtilis* com atividade centrada em resíduo de cisteína

SANTOS, Lene C. M.; NETTO, Luis E. S.; MEIRELES, Diogo A.

As proteínas resistentes a hidroperóxidos orgânicos (Ohr) e osmoticamente induzíveis (OsmC) são peroxidases dependentes de tiol que contribuem para a homeostase redox bacteriana. Estudos filogenéticos de nosso grupo levaram à proposta de que a família Ohr/OsmC pode ser dividida em 3 subfamílias: Ohr, OsmC e Ohr-like, compartilhando alta similaridade na estrutura tridimensional. Estudos anteriores mostraram que a Ohr desempenha um papel importante na eliminação de hidroperóxidos, especialmente hidroperóxidos derivados de ácidos graxos e outros peróxidos orgânicos, além do que a transcrição do gene *ohr* foi estimulada pelo tratamento com tBOOH. Aqui analisamos uma proteína Ohr-like (YmaD) de *Bacillus subtilis*, uma bactéria gram-positiva, que possui outras duas proteínas da família Ohr/OsmC em seu genoma: OhrA e OhrB, estudadas aqui de forma comparativa. Nosso interesse em investigar a proteína YmaD foi iniciado porque uma cepa mutante nula de *ymaD* exibiu maior sensibilidade a H₂O₂, enquanto era esperado que tivesse maior sensibilidade ao hidroperóxido orgânico. Determinamos que a BsYmaD é dotada de atividade peroxidásica, apresentando maior eficiência na oxidação de hidroperóxidos orgânicos do que H₂O₂. Além disso, a BsYmaD apresentou constantes de reatividade mais baixas quando comparado a BsOhrA e BsOhrB, cerca de 10 a 100 vezes menos eficiente. A cepa mutante mostrou fase lag de crescimento estendida em comparação com a cepa selvagem, apontando que YmaD pode desempenhar um papel na desintoxicação de H₂O₂, mesmo que não diretamente. Este resultado foi corroborado pelos tamanhos de halo maiores apresentados pela cepa *ymaD::kan* sob exposição a H₂O₂ e nenhuma diferença significativa foi revelada entre *ymaD::kan* e as cepas do tipo selvagem foram insultadas pelos oxidantes paraquate e diamida. O valor de pKa de ambos os resíduos de cisteína de BsYmaD (Cys_p = 4,56 ± 0,216 e Cys_r = 10,78 ± 0,06) envolvidos na catálise foi determinado pelo método de alquilação de monobromobimano. Ademais, da mesma forma que ocorre para as proteínas Ohr, as proteínas lipoiladas foram capazes de sustentar a atividade enzimática da BsYmaD recombinante *in vitro*. Portanto, a hipótese de que as proteínas Ohr podem ser fisiologicamente reduzidas por proteínas lipoiladas dentro da célula é reforçada.

Palavras-chave: estresse oxidativo, Ohr/OsmC, peroxidases, peróxido orgânico, proteínas lipoiladas.

Caracterização *in vitro* do estado redox e da expressão de *TCOF1* durante o desenvolvimento craniofacial humano

NANI, Diogo A.; PASSOS-BUENO, Maria R.; KOBAYASHI, Gerson S.; Hsia, Gabriella S. P.

O desenvolvimento craniofacial inicia na ectoderme dorsal, com a discriminação das células da borda de placa neural (*Neural plate Border Cells* - NBCs), flanqueadas pelas células de placa neural (*Neural Plate Cells* - NPCs) – prospectivo sistema nervoso central. As NBCs dão origem à crista neural, células que ocupam os primeiro e segundo arcos faríngeos, contribuindo para o desenvolvimento de ossos e cartilagens craniofaciais. Falhas no desenvolvimento das NBCs levam a malformações craniofaciais como a Síndrome de Treacher Collins (STC), em que estresse nuclear, causado por mutações no gene *TCOF1*, e estresse oxidativo provocam apoptose de NBCs. Apesar de dividirem ambiente extracelular e vias gênicas com NPCs, as estruturas derivadas de NPCs não são significativamente afetadas na STC. Nossa hipótese é de que NBCs e NPCs são diferencialmente suscetíveis a insultos redox e demandam diferente expressão de *TCOF1* durante o desenvolvimento. Neste projeto, caracterizamos a expressão do gene *TCOF1* e a abundância da proteína por ele codificada, chamada treacle. Usamos modelos *in vitro* de NBCs e NPCs diferenciadas a partir de células humanas de pluripotência induzida (*human induced Pluripotent Stem Cells* - hiPSCs) derivadas de indivíduos clinicamente normais. Caracterizamos os tipos celulares quanto a expressão de marcadores axiais, de ativação da via BMP, de territórios de placa neural e de borda de placa neural, de enzimas relacionadas ao metabolismo redox e do gene *TCOF1* por qRT-PCR. Caracterizamos a abundância de treacle por Western blot. Foi feita a caracterização da ativação da via BMP através da quantificação da fosforilação de Smad1/8 por citometria de fluxo. A fim de verificar a suscetibilidade de NBCs e NPCs a morte por desbalanço redox, submetemos as células a tratamento com H₂O₂ e avaliamos a morte celular com a marcação de Annexin V/7AAD por citometria de fluxo. Concluimos que os modelos reproduzem o que é observado *in vivo*, que a expressão de *TCOF1* não varia entre os tipos celulares, mas que a nível proteico, as NBCs têm pico de abundância no meio da diferenciação, diferente das NPCs. Além disso, os dados sugerem que NBCs são mais sensíveis à morte celular do que NPCs sob estresse oxidativo.

Palavras-chave: apoptose, borda de placa neural, craniofacial, estresse oxidativo, placa neural, *TCOF1*.

Clonagem e expressão de receptor quimérico de antígeno em linfócitos

GRANHA, Isabela F. O.; OKAMOTO, Oswaldo K.

O glioblastoma (GBM) é o tumor cerebral mais comum e agressivo em adultos. Embora exista um tratamento padrão, que consiste na remoção cirúrgica do tumor seguida de radio e quimioterapia, a sobrevida média dos pacientes ainda é baixa (aproximadamente 15 meses) e o tumor é altamente recorrente. A alta recidiva desse tipo de câncer é atribuída à presença de células tronco tumorais. A imunoterapia tem se destacado com estudos sobre receptores quiméricos de antígenos (do inglês *Chimeric Antigen Receptor*, CAR), expressos em células do sistema imune, como linfócitos-T. Os receptores CAR-T são capazes de reconhecer moléculas expressas pelas células tumorais ativando a resposta imune. Dessa forma, o principal objetivo do presente estudo foi desenvolver células CAR-T capazes de reconhecer dois receptores expressos em células-tronco de GBM, aqui chamados de GSCT2 e GSCT3. Para isso, buscou-se primeiramente validar as condições experimentais para geração de partículas virais, transdução e seleção de linfócitos-T; em seguida, desenhar e validar a expressão do receptor quimérico CAR GSCT2/T3 na linhagem de linfócitos Jurkat E6.1 por meio de qPCR e marcação com proteína-L; por fim, caracterizar linhagens celulares de GBM e neuro progenitora para expressão dos alvos GSCT2 e GSCT3 por meio de qPCR e verificar a expressão desses genes em um banco de dados de sequenciamento de RNA (plataforma CCLE, *Cancer Cell Line Encyclopedia*). Assim, estabelecemos um protocolo eficiente para geração de partículas virais e transdução de linfócitos, com mais de 84% da população transduzida. As células transduzidas foram eficientemente selecionadas, sendo capazes de expressar o receptor quimérico a nível transcriptômico. No entanto, não foi possível detectar a presença do CAR a nível proteico nos linfócitos transduzidos e selecionados. Por outro lado, as linhagens de GBM e neuroprogenitora expressam os alvos GSCT2 e GSCT3 e isso foi confirmado pelos dados do CCLE. Futuras direções para este projeto incluem uma otimização do desenho do receptor, incluindo um gene repórter que permita sua detecção e uma avaliação mais aprofundada da expressão, nas células de GBM em monocamada e em tumoresferas, das proteínas de GSCT2 e GSCT3.

Palavras-chave: células CAR-T; glioblastoma; terapia celular

Diversidade morfológica craniana, micro-evolução e ocupação do Vale do Ribeira de Iguape por grupos humanos no Holoceno

KOHATSU, Thomas M.; OKUMURA, Maria M. M.

A construção de montículos foi um hábito comum em várias populações pré-históricas ao redor do mundo. No Brasil, há os sambaquis, cujo nome vem da junção das palavras em tupi ‘tamba’, que significa marisco, e ‘ki’, amontoado, que descreve a natureza principal desses sítios. A região que abrange desde Rio de Janeiro até Santa Catarina é conhecida pela grande quantidade de sambaquis costeiros. Os sambaquis fluviais, por outro lado, são definidos genericamente pela presença expressiva de conchas de moluscos terrestres, e sua localização relativamente próxima a um rio. Em relação a esses últimos, destaca-se o Vale do Rio Ribeira de Iguape, na fronteira entre São Paulo e Paraná, como uma região de grande concentração desses sítios arqueológicos. Essa região é uma das rotas que facilitaria o contato entre as populações do planalto e do litoral meridional brasileiro, que se encontra dividido pela Serra do Mar. Esse contato tem sido proposto através da presença de materiais da costa em sítios do interior, assim como através de estudos de afinidade biológica. O presente Projeto de Iniciação Científica tem como objetivo analisar a afinidade biológica dos indivíduos do Vale do Ribeira de Iguape (sambaquis fluviais) em comparação com outros sítios arqueológicos, em especial sambaquis costeiros. Essa comparação foi realizada a partir da análise de um banco de dados craniométricos (54 medidas lineares descritas por W. W. Howells). Após o tratamento dos dados faltantes, correção do fator tamanho, junção das amostras femininas e masculinas e reorganização das amostras por tipo de sítio arqueológico, foram aplicadas duas análises multivariadas: Análise de Componentes Principais e Escalonamento Multidimensional. Como resultado, observou-se que, em ambas as análises, há uma maior afinidade biológica entre os indivíduos dos sambaquis fluviais do Vale do Ribeira de Iguape e dos sambaquis costeiros do norte do Paraná. Tal constatação corrobora com a hipótese do contato entre as populações dos sambaquis fluviais e costeiros. A proximidade geográfica entre o Vale do Ribeira de Iguape e a costa norte do Paraná aponta para um resultado coerente com tal contato.

Palavras-chave: Arqueologia Pré-Histórica, Morfologia craniana, Vale do Ribeira de Iguape, Micro-evolução humana.

Estudos sobre a proteína CSD, o sinal primário da determinação sexual em abelhas

GONZALEZ FILHO, Guilherme F.; ARIAS, Maria C.

A determinação sexual das abelhas é dependente do número de cromossomos presentes no indivíduo, seguindo o modelo haplodiploide. Os ovos fertilizados geralmente se desenvolvem em fêmeas diplóides. Por sua vez, ovos não fertilizados sempre darão origem a machos haplóides. E esse controle na determinação sexual se dá pelo gene *csd*. O *csd* sinaliza para a diferenciação sexual de forma complementar. Em outras palavras, indivíduos em heterozigose para essa região se desenvolvem como fêmeas, enquanto que indivíduos hemizigotos ou homozigotos para o *csd* se desenvolvem em machos. Sendo assim o objetivo para o projeto foi de expressar a proteína CSD em linhagens de *E. coli* de forma íntegra e isolada, para futuramente utilizá-la para determinar a sua estrutura molecular e interações proteína-proteína. Para isso, alelos do gene *csd* de *Apis mellifera* foram clonados em vetores e utilizados para transformação em diferentes linhagens de *E. coli*. As bactérias transformadas foram testadas em diferentes condições de expressão gênica: temperaturas, tempos de expressão e concentrações de IPTG. Em seguida, as bactérias tiveram suas proteínas extraídas para realização de Western blot. Dois diferentes anticorpos primários foram utilizados. Os resultados do Western blot demonstraram que a proteína CSD tende a precipitar e uma grande quantidade é recuperada no pellet após a extração. Independentemente das condições de expressão testadas, apenas uma pequena quantidade da proteína estava presente no sobrenadante, no entanto, não de forma íntegra (tamanho esperado 51 kD). Os fragmentos observados variaram de acordo às condições testadas. Esses resultados são explicados e compatíveis com os encontrados para proteínas com desordem intrínseca (IDPs), classe de proteínas à qual a CSD pertence. A quantidade da proteína CSD íntegra e na fração solúvel ainda é muito baixa para o prosseguimento dos experimentos. Sendo assim, protocolos que favoreçam a expressão de proteínas com desordem e as mantêm protegidas de clivagem e degradação estão sendo estudados para testes, de forma a aumentar a chance de sucesso no processo de extração e purificação.

Palavras Chave: *Apis mellifera*; *csd*, Haplodiploidismo.

Identificação de espécie utilizando genética molecular forense

LATERZA, Isabela M.; MIYAKI, Cristina Y.

O uso do DNA *barcoding* é uma alternativa à identificação de espécie baseado na morfologia, sendo principalmente útil em situações nas quais o material se encontra degradado ou danificado. O objetivo do presente trabalho foi identificar as espécies de uma carcaça e de penas de uma ossada de duas aves por meio do DNA *barcoding* para padronizar os protocolos a serem usados em identificações futuras. O DNA da carcaça foi extraído de músculo com proteinase K e purificado com fenol:clorofórmio e com *DNeasy Blood and Tissue Kit* (Qiagen). O DNA da ossada foi extraído do cálcio das penas usando o mesmo *kit*. Foram testados dois protocolos de PCR (tradicional e *touch-down*) e quatro pares de *primers* (um universal e três desenhados por mim para *mini-barcoding*). Os resultados das ampliações foram comparados em gel de agarose 1% com marcador de peso molecular de 100 pb. Foram selecionados para proceder para o sequenciamento os produtos com uma banda intensa e de tamanho esperado. O sequenciamento Sanger foi realizado em ambos os sentidos. As sequências foram alinhadas no BioEdit v 7.2.5 e o consenso foi gerado no Jalview v 2.11. A sequência fasta foi carregada no *ID Engine* do *Barcode of Life Database System* para identificação. O DNA da carcaça apresentou arrasto, sem banda de alto peso molecular visível no gel de agarose. Como esperado, o DNA extraído das penas da ossada não pode ser visualizado em gel devido à sua baixa quantidade. O protocolo de PCR tradicional produziu bandas com todos os pares de *primers* e amostras, enquanto a *touch-down* PCR não amplificou produto com a maioria dos *primers*. Por conta disso, apenas sete produtos da PCR tradicional foram enviados para o sequenciamento. As sequências obtidas tinham baixa qualidade, o que impediu de realizar as análises seguintes. Novos experimentos serão feitos.

Palavras-chave: Aves, DNA *barcoding*, Genética Molecular, Identificação Molecular, Sequenciamento Sanger

Identificação e Caracterização de Ohr em *Physcomitrella patens*, organismo modelo de plantas

CANDIA, Rebeca B.; NETTO, Luis E. S.

As Ohrs são proteínas peroxidases com alta atividade na detoxificação de peróxidos orgânicos, representando um mecanismo protetivo de extrema importância contra danos provocados por peroxidação lipídica. Por muito tempo, foram conhecidas como enzimas bacterianas. Mas, recentemente, descobriram-se homólogos de Ohr também presentes em eucariotos, particularmente em fungos patogênicos e, pela primeira vez, em uma planta, *Physcomitrella patens*. Sua condição de organismo-modelo motivou este trabalho, com os objetivos de obter a proteína Ohr de *P. patens* recombinante em alta pureza, caracterizar a enzima e estudar o padrão de expressão do gene *ohr in silico*. Para tanto, inicialmente a proteína recombinante foi expressa e purificada em linhagem *E. coli* AD494, e utilizada na metodologia de ensaio acoplado para obter a velocidade de decomposição de peróxido orgânico. Posteriormente, houve análise do extrato proteico total de gametóforos da briófito para detecção da proteína. *In silico*, analisou-se a predição para sublocalização celular da proteína e, através dos dados de transcriptoma disponíveis publicamente, estudou-se a expressão do gene *ohr*. Finalmente, houve análise de genes coexpressos com *ohr* através da construção de uma rede gênica. Como principais resultados, a proteína Ohr de *P. patens* apresentou alta atividade na decomposição do peróxido orgânico *tert*-butilidroperóxido, similar ao esperado para Ohr procariótica. Não foi possível detectar Ohr no extrato proteico de gametóforos, possivelmente devido a um efeito de diluição. A proteína, *in silico*, parece ter sublocalização celular na maioria dos casos predita para a mitocôndria, de forma similar a resultados disponíveis na literatura. Quanto a sua expressão, *ohr* parece ser significativamente expresso nos anterídeos, sugerindo expressão tecido-específica. Com a análise de coexpressão, comparando-se genes diferencialmente expressos entre duas fases do ciclo de vida da briófito, protonema e anterídeos, foi possível obter diversos novos genes coexpressos com *ohr*, que parecem executar diversos processos na célula, sem categoria predominante. Até o momento, a Ohr de *P. patens* parece demonstrar características da Ohr eucariótica interessantes, que sugerem uma provável importância na briófito, dadas as características do homólogo bacteriano já conhecidas. É necessário que estudos futuros aprimorem o conhecimento do homólogo e o papel de outros genes nos mecanismos de expressão dessa importante enzima.

Palavras-chave: antioxidantes; bioquímica de proteínas; expressão gênica; peróxidos; transcriptômica

Investigação de variantes de risco em pacientes com Transtorno do Espectro Autista

CAMPOS, Gabriele da Silva; PASSOS-BUENO, Maria R. S.

O Transtorno do Espectro Autista (TEA) é um distúrbio genético neuropsiquiátrico de início precoce que afeta 1 a cada 54 crianças. Nos últimos anos, alterações de grande efeito clínico em muitos genes foram associados ao TEA, mas ainda assim uma grande porcentagem dos casos permanece sem diagnóstico molecular. Em vista da heterogeneidade genética do TEA, este estudo visou avaliar a proporção de casos decorrentes de alterações *de novo* de alto impacto em indivíduos com TEA em uma coorte de 242 trios (propósito com TEA, mãe e pai). Para isso, foram filtradas variantes *missense* e de perda de função, que estivessem preditas como deletérias em genes implicados no neurodesenvolvimento, sendo priorizados os genes já associados ao TEA, descritos no banco de dados SFARI. Na análise de variantes *de novo*, foram identificadas 20 variantes patogênicas, totalizando uma taxa de diagnóstico molecular de 8,26% (20/242). A maioria dessas alterações afeta genes de risco para TEA; no entanto, foi identificada uma variante no gene *NPAS3* (#MIM 609430), que codifica um fator de transcrição importante para a neurogênese. O gene *NPAS3* já foi associado à esquizofrenia e deficiência intelectual, e camundongos com ausência de *Npas3* e *Npas1* apresentam alterações comportamentais e neuroquímicas; ademais, *NPAS3* não está descrito no SFARI e nunca foi relacionado a nenhuma condição de herança mendeliana. A variante identificada (NM_001164749:c.400C> T; p.Arg134Ter) resulta em uma inserção de códon de parada prematuro, está ausente em população de controle, é predita como deletéria (CADD *score* > 25) e resulta na perda dos dois domínios PAS, essenciais para a atuação da proteína. Ademais, o gene *NPAS3* é intolerante à perda de função (pLI = 1; o/e = 0,2), como a alteração identificada. Dessa forma, este trabalho contribui para a estimativa de uma taxa de diagnóstico molecular em uma casuística brasileira, adiciona informações clínicas e moleculares a genes já descritos e sugere o gene *NPAS3* como um novo candidato a gene de risco para TEA.

Palavra-chave: autismo, exoma, *NPAS3*.

Modelagem de tumor embrionário do Sistema Nervoso Central a partir de células neuroprogenitoras derivadas de células-tronco pluripotentes humanas.

LIMA, Vitória A.; OKAMOTO, Oswaldo K.

Meduloblastoma (MB) é um tumor maligno do Sistema Nervoso Central (SNC), sendo o segundo tipo de tumor pediátrico mais frequente (superado apenas por neoplasias hematológicas). Estudos pregressos do nosso grupo identificaram uma expressão anormal de fatores de pluripotência em MB, entre estes o Oct-4, um dos principais fatores reguladores de pluripotência e auto-renovação de células-tronco embrionárias (CTE). A expressão de Oct-4 decai a partir da diferenciação de CTE e não é encontrada em células progenitoras ou em células terminalmente diferenciadas. Todavia, foi observada uma expressão alta e aberrante de Oct-4 em certos MBs, relacionada à maior agressividade tumoral e menor sobrevida dos pacientes acometidos. Uma vez que o MB é suspeito de originar-se em células neuroprogenitoras (NPC's) nos primeiros estágios do desenvolvimento embrionário, é possível que uma expressão aberrante de Oct-4 nestas células seja capaz de dar início a alterações neoplásicas. Em decorrência desta hipótese, este estudo propõe investigar as consequências da expressão de Oct-4 em NPC's humanas derivadas de linhagens de Células Pluripotentes Induzidas (iPSC's) por meio do desenvolvimento de um modelo experimental caracterizado pela superexpressão de Oct-4 condicionada à Doxíciclina. Para isto, foi realizada a transfecção de dois vetores lentivirais em células Hek293, para a produção de partículas virais e posterior transdução de iPSC's, visando o estabelecimento do sistema de expressão nestas células. As mesmas foram selecionadas por meio de *sorting* celular ativado por fluorescência (FACS), sendo os vetores marcados com os genes de fluorescência GFP e mCherry, e estas células foram posteriormente diferenciadas até o estágio de NPC's e novamente submetidas à seleção. Apesar do sinal positivo para GFP, a eficácia da seleção para o vetor contendo o marcador mCherry e o inserto rtTA (ativador transcricional responsivo à Tetraciclina reversa e análogos - como Doxíciclina) foi baixa, tanto por FACS quanto analisando-se a expressão por RT-PCR, e ensaios posteriores para verificação de expressão de Oct-4 após introdução de Doxíciclina, assim como ensaios funcionais para a verificação de tumorigênese estão em andamento. Todavia, resultados parciais sugerem que um possível vazamento de expressão de Oct-4 em NPC's normais pode estar relacionado com alterações morfológicas, assim como na proliferação destas células.

Palavras-chave: Células neuroprogenitoras; iPSC's; Meduloblastoma; Oct-4; Sistema Nervoso Central; Tumor Embrionário

Modo de Vida e saúde na população do sítio arqueológico Chupacigarro (500-400 a.C.), vale de Supe, Costa Centro-Norte do Peru

SILVA, Karoline S.L.; PEZO-LANFRANCO; Luis N.

Ao longo do vale do rio Supe, localizado na Costa Centro-Norte peruana, podem ser encontrados diversos sítios arqueológicos datados para o Período Formativo (3000-1 a.C.). Tais sítios foram objeto de muitos estudos arqueológicos que trataram sobretudo da exuberante arquitetura do local, que conta com construções monumentais contemporâneas às de civilizações como Mesopotâmia e Egito. Entretanto, pouco se sabe a respeito do Modo de Vida dos povos que habitaram essa região. O presente trabalho visa contribuir para a mitigação dessa lacuna de conhecimento, tratando justamente do Modo de Vida e saúde daqueles que ocuparam o vale do Supe durante o Período Formativo, com um foco na transição entre o Período Formativo Tardio (800-400 a.C.) e o Período Formativo Final (400-1 a.C.). Para tal, foram realizadas análises bioarqueológicas em esqueletos de 69 indivíduos recuperados de um cemitério pré-histórico situado nas imediações do sítio arqueológico de Chupacigarro, datado entre 500-400 a.C., e escavado no ano de 2011 por arqueólogos associados ao Projeto Arqueológico Caral. Os dados obtidos foram submetidos a testes estatísticos para caracterizar a prevalência de marcadores de estresse fisiológico (cribra orbitalia, hiperostose porótica e periostites) e traumatismos. Foram encontradas altas prevalências de todos os indicadores de estresse analisados, bem como de traumatismos. A partir desses resultados foi possível caracterizar o Modo de Vida da população em questão como pobre e as condições de saúde como precárias. Os dados gerados por esta pesquisa podem ser utilizados futuramente para estudos comparativos envolvendo outras populações andinas, auxiliando na compreensão dos processos de complexificação social na região dos Andes Centrais.

Palavras-chave: Andes Centrais, complexificação social, estresse fisiológico, Modo de Vida.

Padrão de subsistência e complexificação social: Uma perspectiva bioantropológica comparativa entre populações pré-históricas de ecossistemas litorâneos da América do Sul

TUERMOREZOW , Yuri E.; PEZO-LANFRANCO , Luis

Esse trabalho faz parte do Projeto “Padrão de subsistência e complexificação social: Uma perspectiva bioantropológica comparativa entre populações pré-históricas de ecossistemas litorâneos da América do Sul”), desenvolvido pelo Dr. Luis Pezo-Lanfranco no Laboratório de Antropologia Biológica do Instituto de Biociências da USP. Este trabalho fornece dados à investigação sobre a relação entre dieta e complexidade social nos Andes Centrais a partir da investigação do desenvolvimento dos indivíduos e sua relação com a qualidade alimentar. Na parte da pesquisa que me foi encarregada abordei a problemática do “modo de vida”¹ e da complexidade social de populações pré-históricas da costa Centro-Norte dos Andes Centrais do Período Formativo (3000-1 a.C.), da costa Centro-Norte dos Andes Centrais, baseado no estudo dos seus remanescentes ósseos, a fim de encontrar mudanças ao longo do tempo. Espera-se encontrar mudanças de estatura e robustez nesses indivíduos, e a partir disso pode-se fazer inferências sobre “modo de vida” e alimentação, focando nas práticas de agricultura que sustentou todo o desenvolvimento social dessa época. Para isso, foram feitas análises de remanescentes ósseos de 66 indivíduos de Chupacigarro (700-600 a.C.), 11 indivíduos de Caral (2900-1600 a.C.), 12 indivíduos de Peñico (2000-1800 a.C., ainda por confirmar), 3 de Vichama (2000-1200 a.C.), e 21 indivíduos de Áspero (3000-1800 a.C.). Munido das medidas de ossos longos, fiz reconstruções da estatura e robustez de cinco populações de diferentes sítios arqueológicos, e usando de análises estatísticas, comparei esses dois indicadores bioarqueológicos e detectei uma diminuição da média da estatura ao longo tempo em 4 cm para homens e 3 cm para mulheres, e não detectei mudanças de robustez entre os sítios estudados, com uma exceção da diminuição da robustez da diáfise do úmero em 1 cm. A mudança dos valores da média da estatura pode estar associada com alterações da dieta e da subsistência providas por uma intensificação da agricultura.

Relações Humanos-Elefantes: aspectos históricos, ecológicos e desafios enfrentados durante a pandemia de COVID-19

WAIMBERG, Fernanda. T.; MURRIETA, Rui S. S.

Os animais a quem nos referimos como elefantes são as três espécies que ainda vivem da ordem Proboscidea: o *Elephas maximus* na Ásia e os *Loxodonta africana* e *L. cyclotis* na África. Nossas primeiras interações remontam à pré-história, quando humanos caçavam proboscídeos para a alimentação, e com o tempo nossas relações foram ficando mais estreitas e diversas, principalmente no continente asiático, que será o foco deste trabalho. Os primeiros indícios desses animais em cativeiro são da civilização Harappiana e datam de 2800-2600 a.C., dando início a uma cultura de captura, treino e uso de talvez mais de um milhão de elefantes ao longo da história (como armas de guerra, símbolos religiosos e de prestígio, animais de trabalho para a indústria madeireira, animais de carga e de transporte, entretenimento, etc.). Porém, essa nossa relação é também bastante conflituosa e envolve uma série de desafios até os dias atuais, além de sermos os grandes responsáveis pelo risco de extinção dos *E. maximus*. Este trabalho tem como objetivos, pois, analisar o estado de conservação da espécie, identificar os principais conflitos entre nós e discutir os ocorridos recentes relacionados à pandemia de COVID-19. Para tal, foram pesquisados trabalhos no Google Acadêmico e no Scielo a partir de termos de interesse, foram lidas obras de importantes autores do tema, além da análise feita dos dados fornecidos por organizações de autoridade e por veículos de comunicação. Foi verificado que os elefantes asiáticos são classificados desde 1986 como “em perigo” pela IUCN, já tendo perdido cerca de 95% do alcance que um dia tiveram, principalmente por conta da caça, do desmatamento e dos nossos conflitos, como os relacionados à competição por alimento. Além disso, nos últimos dois anos, assim como nós, esses animais foram severamente afetados pela pandemia, principalmente aqueles empregados no turismo. Se ainda quisermos coabitar esse planeta com o *E. maximus*, uma série de atitudes precisam ser tomadas de forma urgente, como a criação de corredores ecológicos, a valorização desses animais e o reconhecimento da espécie como pessoas não-humanas.

Palavras-chave: Conflito homem-elefante; Conservação da vida selvagem; *Elephas maximus*; Pandemia de COVID-19; Relações humanos-elefantes

Departamento de Zoologia

Caracterização da fauna de Arthropoda associada a fungos bioluminescentes (*Mycena luxaeterna*) no Instituto de Pesquisas da Biodiversidade (IPBio – São Paulo)

SOUZA JR, Hélio G.; DIOS, Rodrigo V. P. NIHEI, Silvio S.

As funções ecológicas da bioluminescência em fungos não estão bem esclarecidas, embora se tenha conhecimento desse fenômeno a muito tempo, com o objetivo de elucidar essa questão, foi feita a caracterização dos artrópodes associados ao cogumelo bioluminescente *Mycena luxaeterna* a fim de tentar estabelecer relações ecológicas entre a emissão de luz por parte do cogumelo e uma possível atração por parte dos artrópodes. *Mycena luxaeterna* emite luz no espectro do verde, possuindo uma distribuição extremamente restrita, presente apenas na cidade de Iporanga no interior do estado de São Paulo, Brasil, onde se localiza o Instituto de Pesquisas da Biodiversidade, a coleta foi feita utilizando réplicas de acrílico do cogumelo, que eram iluminada internamente por LED's de diferentes cores e subsequentemente cobertas por uma armadilha adesiva a fim de capturar os animais visitantes do suposto fungo. A caracterização foi feita de modo a identificar os organismos encontrados a nível de família, e executar uma pesquisa bibliográfica focada na ecologia e detecção do espectro de luz de cada família. A maior parte dos grupos animais coletados possuíam alguma relação com o cogumelo, fosse alimentação ou oviposição, ou parasitismo e predação dos animais associados ao basidioma. A maioria dos animais capturados também são capazes de detectar o espectro verde da luz.

Palavras-chave: Artrópodes; Bioluminescência; Cogumelos; Visão.

Crescimento populacional de *Arcella intermedia* em competição com *Spumella* sp.

VERONEZ, Lucas; LAHR, Daniel J. G.

Existem muitas questões relativas ao estudo populacional de microrganismos eucariontes, como o grupo Amoebozoa, que se diversificou há quase um bilhão de anos e forma um grupo diverso. Um dos grupos modelos é o grupo dos Arcellinideos, que possuem carapaça, são organismos de fácil cultivo e rápido crescimento. De forma semelhante, os nanoflagelados bacteriófagos como *Spumella* sp. estão entre os mais importantes grupos de eucariontes heterotróficos e são de importância significativa na transferência de carbono através de teias alimentares aquáticas. Nesse presente estudo, analisamos a competição entre populações de *Arcella intermedia* e *Spumella* sp. para verificar a interação entre os mesmos no ecossistema e o quanto o crescimento populacional desse influencia naquele. O crescimento populacional desses microrganismos é dado por uma curva exponencial típica, com fases LAG, LOG, equilíbrio em K e declínio, uma vez que os recursos são finitos e a capacidade de suporte K chega a um valor específico. Aplicamos um desenho amostral com escolhas de análises aleatórias a partir de métodos de contagens específicos e análise de dados feita com a fórmula $r = (\ln N_t - \ln N_0) / t$, a qual originou curvas características. Verificamos que a presença do nanoflagelado em cultura interferiu significativamente no crescimento populacional do Arcellinideo e que, portanto, são fortes competidores, sendo que o flagelado provavelmente apresentou melhor desempenho por ter tamanho inferior e crescimento populacional rápido. Possíveis razões seria melhor aproveitamento de recurso por parte de *Spumella*, assim como uma fase LOG mais antecipada ou mesmo uma capacidade suporte (K) maior. Algumas perguntas ainda precisam ser respondidas futuramente. Qual a característica predominante que faz *Spumella* ser melhor competidor? Por que indivíduos de *Spumella* se acumulam ao redor ou sob a teca de *Arcella intermedia*? Competição de microrganismos filogeneticamente distantes tendem à exclusão competitiva?

Diversidade de “Tetraphyllidea”, parasitas de raias *Rhinoptera* sp. provenientes do litoral sudeste brasileiro

MARQUES, Fernando. P. L.; CORREIA, Giovanni C. S.

Apesar da importância dos parasitas nos ecossistemas e também como bons indicadores biológicos, o estudo da diversidade de parasitas tem sido negligenciado ao longo do tempo, resultando em um padrão de diversidade subestimado. Este projeto se centrou no levantamento da fauna de cestódeos parasitas de raias do gênero *Rhinoptera*, encontrada em áreas tropicais do Atlântico oriental e ocidental. Os dados parasitários são provenientes de 5 espécimes no litoral sudeste do Brasil, em Paraty - RJ e Ilhabela - SP, e foram coletados dados moleculares e morfométricos. Estudos preliminares indicam a presença de 3 espécies novas de cestódeos para esse hospedeiro. Estas espécies são representantes dos gêneros *Rhodobothrium* Linton, 1890, *Dioecotaenia* Schmidt, 1969 e *Duplicibothrium* William & Campbell, 1978, mas devido à disponibilidade de material, foi possível descrever espécies para os gêneros *Duplicibothrium* e *Rhodobothrium*. Os dados moleculares apontaram que é necessário estudar cuidadosamente a diversidade de raias do gênero *Rhinoptera* do litoral brasileiro, pois há a possibilidade que a diversidade esteja subestimada. Também apontaram que os exemplares de parasita coletados possuíam diferença de espécies já descritas para os gêneros *Duplicibothrium* e *Rhodobothrium*. Os dados morfométricos apontaram que entre os caracteres utilizados tradicionalmente para a caracterização de espécies dentro desses gêneros, há diferença suficiente para justificar a descrição de duas espécies novas, uma para *Duplicibothrium* e uma para *Rhodobothrium*. Como não há registros de espécies destes gêneros para a costa brasileira, esse trabalho é relevante por adicionar representantes desses gêneros nesta região biogeográfica, e apontar para a necessidade de conhecer melhor a fauna parasitária de nosso litoral.

Palavras chave: Cestoda, Diversidade, parasitas, *Rhinoptera* sp.

Evolução do canto de anúncio em Cophomantini (Anura: Hylidae)

NAKAMURA, D. Y. M.; PINHEIRO, P. D. P.

O canto de anúncio é emitido por machos de anuros para atrair fêmeas ou repelir outros potenciais competidores. Propriedades físicas do ambiente podem influenciar a evolução do canto de anúncio por seleção natural. Em contraste, a frequência dominante pode ser influenciada também por seleção sexual, pois sons de frequência baixa são possivelmente percebidos como mais intimidantes na competição entre machos e mais atrativos durante a escolha da fêmea. Neste trabalho, investigamos como tamanho corporal, habitat e dimorfismo sexual influenciam a evolução do canto na tribo Cophomantini (Anura: Hylidae) usando métodos filogenéticos comparativos. Nossos resultados indicam que tamanho corporal e habitat estão correlacionados com a frequência dominante. A seleção favorece o canto de frequência alta em espécies de ambientes lóticos. O dimorfismo sexual é correlacionado com o canto apenas em *Bokermannohyla*. Nossa análise indica um ancestral de Cophomantini com habitat lótico, mas transformações para ambientes lênticos parecem concentradas em alguns clados de *Boana*.

Palavras-chave: comunicação, métodos filogenéticos comparativos, PGLS, seleção natural, seleção sexual, vocalização.

História evolutiva da Isocitrato Desidrogenase (IDH) revela importantes eventos de duplicação gênica e surgimento dos animais no Neoproterozoico

BEZERRA, Bruno S.; PAIVA, Elisa M. C.S.

O maquinário molecular responsável pela respiração aeróbica foi criticamente importante para o surgimento e diversificação dos animais. Organismos aeróbicos produzem ATP através da oxidação de moléculas orgânicas em um processo conhecido como Ciclo de Krebs, no qual a enzima isocitrato desidrogenase (IDH) desempenha o papel de regular a frequência de funcionamento do ciclo. Reconstruções filogenéticas e de relógio molecular com proteínas do metabolismo do oxigênio, como a IDH, podem trazer estimativas de quando a diversificação dos táxons principais ocorreu, e qual sua relação com o estado oxidativo dos oceanos e da atmosfera. Para estabelecer a história evolutiva e as datações da IDH, examinei dados transcriptômicos de 195 eucariotos (em sua maioria animais). Os resultados demonstram que ocorreram dois eventos de duplicação na história evolutiva da IDH, um no ancestral eucarioto a cerca de 1967 Ma, e outro a 1629 Ma, ambos na era Paleoproterozóica. Além disso, também é demonstrado que as subunidades regulatórias β e γ são exclusivas de metazoários, aparecendo no Mesoproterozóico. Por fim, os resultados também suportam a ideia de uma diversificação dos eucariotos antes do Toniano, além de um surgimento pré-Criogeniano da IDH dos animais.

Palavras chave: Evolução, metazoários, oxigênio.

História natural de uma população introduzida de *Phyllodytes luteolus* (Anura, Hylidae) em área urbana no município de Santo André-São Paulo, SP, Brasil

VIEIRA, Natalia S. S.; RODRIGUES, Miguel T. U.; MOLLO-NETO, Antonio

A espécie *Phyllodytes luteolus* apresenta hábito de vida noturno e é caracterizada como bromelígena, com ciclo de vida completo restrito aos tanques das bromélias. Algumas espécies de anuros, como *P. luteolus*, utilizam a água armazenada nos tanques das bromélias como um micro-habitat compatível ao seu hábito de vida. O presente trabalho foi realizado na Praça IV Centenário, em Santo André (SP), onde *P. luteolus* é uma espécie introduzida e ocupa bromélias-tanque de dois morfotipos (morfotipo 1 e morfotipo 2). Assim, os objetivos deste trabalho são: (1) analisar a influência de fatores abióticos (temperatura e pH da água) na ocupação das bromélias-tanque; (2) comparar a morfologia de *P. luteolus* em Santo André com as medidas de indivíduos localidades nativas; (3) descrever e comparar a dieta (4) descrever e comparar aspectos de biologia reprodutiva. Em campo, foram coletados 15 indivíduos de *P. luteolus* e marcadas 10 bromélias de cada morfotipo, registrando-se as medidas de pH e temperatura da água no tanque central, além de registrar o avistamento de indivíduos, desovas e a presença de girinos. Em laboratório, os indivíduos foram sexados, os óvulos das fêmeas foram triados, o conteúdo gastrointestinal foi identificado a nível de ordem e as medidas morfométricas dos indivíduos foram tomadas para comparação com indivíduos de *P. luteolus* em localidades nativas, por meio do teste *t-Student*. As análises mostraram que *P. luteolus* de Santo André são, em média, menor do que os indivíduos das localidades nativas e que a dieta é baseada em predação de formigas. Além disso, a amostra em relação ao sexo é de 6 fêmeas, 7 machos e 2 juvenis, e as desovas e picos de avistamento ocorreram na primavera e no verão. A temperatura parece não influenciar a ocupação das bromélias, o pH da água no morfotipo 2 é mais ácido do que no morfotipo 1. Assim, conclui-se que: (1) a temperatura no interior dos tanques parece determinante; (2) o pH da água é, em média, mais alto no morfotipo 1; (3) a população de Santo André é, em média, menor; (4) especialização da dieta: Formicidae e (5) desovas e fêmeas ovadas podem ser encontradas principalmente na primavera e no verão.

Palavras-chave: espécie exótica, herpetologia, fauna urbana.

Investigando a influência da microbiota bacteriana na alteração da morfologia da carapaça de tecamebas da linhagem *Arcella intermedia* (Amoebozoa:Arcellinida)

SILVA, Tainá F. LAHR, Daniel J. G.

Arcellinida é um grupo diverso de tecamebas unicelulares dentro do ‘supergrupo’ Amoebozoa, caracterizado pela presença de uma carapaça (teca) externa rígida. Apesar da grande diversidade de tecamebas descritas com base em características morfológicas e morfométricas, a existência de similaridade morfológica entre espécies distintas e grande variabilidade destas características mesmo entre indivíduos de uma mesma espécie, tem sido largamente demonstrada. Neste projeto, focamos na plasticidade fenotípica (i.e. mesma linhagem molecular expressando morfotipos distintos) apresentada por diversos membros do grupo Arcellinida. Utilizamos *Arcella intermedia* para descrever a possível causa de variação morfológica, linhagem que demonstrou apresentar morfologia significativamente distinta se em ambiente natural ou se em culturas laboratoriais. Por meio de análises morfológicas de indivíduos de *A. intermedia* em culturas com diferentes condições nós identificamos que a ausência de bactérias no meio é um gatilho para a mudança morfológica observada nessa linhagem de tecamebas.

Palavras-chave: carapaça, comunidade bacteriana, interações ecológicas, plasticidade fenotípica, variabilidade morfológica.

Morfologia comparada do receptáculo seminal de lulas (Cephalopoda: Decapodiformes)

SOARES, Bruna F.; MARIAN, José Eduardo A. R.

A reprodução dos Decapodiformes é caracterizada pela transferência de espermátóforos para o corpo da fêmea. Em algumas espécies, as fêmeas possuem um órgão de armazenamento de espermatozoides na membrana que circunda a boca (i.e., membrana peribucal): o receptáculo seminal. Essa estrutura permite separação temporal entre a cópula e a fertilização, uma vez que gametas de diversas cópulas podem ser armazenados nesse órgão feminino até a desova. Assim, a presença de receptáculo seminal pode se relacionar com processos de seleção sexual, como competição espermática e escolha críptica de paternidade pela fêmea. Entretanto, existem poucos estudos sobre a morfologia e funcionamento desses órgãos e sabemos pouco sobre a evolução dos mesmos, principalmente porque as relações filogenéticas dos Decapodiformes são bastante incertas. Nesse contexto, o presente trabalho teve como objetivos investigar: (1) a morfologia dos receptáculos seminais de forma comparativa e exploratória através de análises histológicas; e (2) a evolução dessas estruturas nos Decapodiformes. Para isso, analisaram-se número, localização e morfologia interna e externa de receptáculos seminais de cinco espécies: *Lolliguncula brevis* e *Pickfordiateuthis pulchella* (Loliginidae); *Ommastrephes cylindraceus* e *Ornitoteuthis antillarum* (Ommastrephidae); e *Thysanoteuthis rhombus* (Thysanoteuthidae). Informações sobre outras famílias, extraídas da literatura, foram incluídas nas análises. As espécies das famílias Loliginidae, Idiosepiidae, Sepiidae e Bathyteuthidae possuem um receptáculo seminal na região ventral na membrana peribucal. Nesses casos, os receptáculos são compostos por câmaras internas que se conectam à abertura do receptáculo através de um duto comum. Já nas famílias Ommastrephidae e Thysanoteuthidae, há dezenas a centenas de receptáculos distribuídos ao longo da membrana peribucal, compostos por bulbos que se abrem diretamente na abertura dos receptáculos seminais. Análises de reconstrução de estados ancestrais, feitas com base em uma filogenia recentemente publicada para Decapodiformes, indicam que a presença de um receptáculo seminal localizado na região ventral e contendo duto comum seria a condição ancestral em Decapodiformes. Receptáculos teriam então sido perdidos em uma linhagem de Oegopsida, mas posteriormente ressurgido de forma homoplástica em Ommastrephidae. Diferenças no tipo de desova (bentônica/pelágica) e comportamento reprodutivo (presença/ausência de agregação reprodutiva) são propostas como possíveis explicações para o surgimento independente de receptáculos seminais nessa família.

Palavras-chave: Cefalópodes; Macroecologia; Seleção sexual.

Taxonômia integrativa da espécie *Scaphura nigra* Thunberg, 1824 (Orthoptera, Tettigoniidae, Phaneropterinae) através de dados morfológicos e moleculares

TAVARES, Daniel H.; NIHEI, Silvio S.; REDÜ, Darlan R.; CAMPOS, Lucas D.

Tettigoniidae é a família mais diversa de Orthoptera com aproximadamente 7700 espécies. Seus representantes apresentam frequentemente formas de mimetismo e camuflagem. *Scaphura nigra* Thunberg, 1824, uma das 11 espécies do gênero sul-americano *Scaphura* Kirby, 1825 (Phaneropterinae), apresenta polimorfismo, com três formas que mimetizam diferentes vespas: “*Entypus*”, “*Pepsis*” (Pompilidae) e “*Polistes*” (Vespidae). Esses três morfotipos são considerados co-específicos por análises de coloração, comportamento e reprodução. O presente trabalho visa realizar um estudo taxonômico integrativo de *S. nigra* baseado em dados morfológicos, morfométricos e moleculares. Estruturas morfológicas foram examinadas com estereomicroscópio Zeiss Stemi DV4, e mensurações realizadas com régua micrométrica acoplada ao estereomicroscópio Leica MZ9.5. Fotografias foram feitas com câmera digital Leica MC170 acoplada ao estereomicroscópio Leica MZ16 e com câmera digital Canon Eos Rebel T5i, e posteriormente montadas no software Helicon Focus. Edições foram realizadas no Adobe Photoshop CS6 e as pranchas montadas no Adobe Illustrator CS6. Foram sequenciados fragmentos dos genes mitocondriais COI, 12S e 16S. Sequências foram alinhadas no programa MAFFT, editadas e concatenadas no programa SeaView. Análise de *pairwise distance* bem como árvores de *neighbor-joining* e máxima verossimilhança foram obtidas no programa MEGA. A análise morfológica não demonstra diferenças significativas nas estruturas observadas entre os 3 morfotipos como: venação alar, placas subgenital e supra-anal, ovipositor e cercos. As medições e as proporções corpóreas obtidas apresentaram diferença insignificante entre os morfotipos, porém é necessária maior amostragem. Análise de *pairwise distance* (K2P) das sequências de *barcode* (COI) revelou que as distâncias entre e dentro os morfotipos se sobrepõem. As distâncias máximas encontradas entre e dentro os morfotipos foram ambas de 3,6%. As árvores de *neighbor-joining* e máxima verossimilhança formaram agrupamentos compostos por morfotipos distintos. O presente estudo conclui que os três morfotipos de *S. nigra* representam uma única espécie. Caracteres morfológicos, morfométricos e moleculares aqui analisados são congruentes.

Palavras-chave: análise molecular, *barcode*, esperanças, mimetismo, morfologia, polimorfismo.

Área de Educação

A biologia na mídia e seu papel para a construção das concepções de gênero

SANTOS, Rafaela G. R.; BIZERRA, Alessandra F.

O presente estudo objetivou compreender a construção das concepções de gêneros, por meio da Biologia, na divulgação científica (DC) brasileira. Esperou-se, com isso, aprofundar o debate sobre as relações entre divulgação científica e construção de discurso de gênero, tendo em mente suas modificações ao longo do tempo. A ferramenta de análise deste estudo foi a revista *Superinteressante*, compreendendo as edições dos anos de 1988, 1993, 1998, 2003, 2008, 2013 e 2018, excluindo as edições especiais. A partir de uma leitura cautelosa das reportagens de tais edições, produziu-se uma ferramenta metodológica para estudos de gênero e DC com a elaboração de um quadro categorial para análises textuais. Também, analisou-se a frequência destas categorias ao longo dos 30 anos de produção da revista, estabelecendo uma compreensão primária do histórico temporal da revista e possíveis mudanças discursivas. Desta forma, a análise de conteúdo das reportagens da revista levantou algumas unidades de significação que puderam nortear a emergência de categorias e subcategorias, tais como: subcategoria "Reprodução" - dentro da categoria Determinismo Biológico - e subcategoria "Heteronormativa" - dentro da categoria Epistemologia Textual -. A subcategoria "Reprodução" esteve presente em todos os anos de análise, exceto 1998. A subcategoria "Heteronormativa" permaneceu com frequência constante até o início do século XXI, diminuindo a frequência a partir de então. Assim, nota-se que a revista apresentou discursos que possibilitaram a produção de concepções de gênero estereotipadas, mas com possíveis mudanças recentes nesse quadro. O presente estudo, portanto, produziu uma ferramenta metodológica para estudos de gênero e DC por meio de um quadro categorial para análises textuais. Também, ao analisar 30 anos de produção, foi possível estabelecer compreensões sobre como uma revista de DC utiliza a biologia como ferramenta para construir discursos e moldar concepções sobre os gêneros, podendo guiar tanto Pesquisas quanto Práticas de divulgação científica futuras.

Palavras-chave: biologia; divulgação científica; gênero; revista.

A inserção dos ODS no Currículo da Cidade de São Paulo: uma análise exploratória de conexões, conceitos, valores e formas de participação

MOREIRA, Maria Paula R. R. Q.; SILVA, Rosana L. F.

A partir de 2018 e de um processo de atualização curricular desencadeada pela construção da BNCC, a Secretaria Municipal de Educação do município de São Paulo realizou a revisão dos Currículos da Cidade e uma das inovações incorporadas foi a articulação com os Objetivos do Desenvolvimento Sustentável (ODSs), propostos pela ONU em 2015. Devido a essa característica inovadora, consideramos importante a investigação desse processo para seu próprio aprimoramento e disseminação de resultados, a fim de trazer novos elementos para discussão curricular da área de Ciências da rede municipal e contribuição para o desenvolvimento da Educação Ambiental no ensino. Este trabalho utilizou a perspectiva da Educação Ambiental crítica para suas análises, além do paradigma da complexidade. Tivemos como objetivo geral investigar a articulação dos ODSs ao Currículo de Ciências do Ensino Fundamental da cidade de São Paulo, com foco nas possibilidades de Educação Ambiental crítica. Foi realizada uma análise quantitativa da distribuição dos ODS entre os objetivos de aprendizagem de Ciências, seguida de duas análises qualitativas referentes à presença de conceitos, valores e formas de participação no documento curricular e, também, a partir do paradigma da complexidade, uma análise das perspectivas escalares (micro, meso e macro) presentes nos objetivos de aprendizagem. Foi possível verificar uma baixa frequência dos ODS relacionados às questões sociais no currículo de Ciências, mas pode estar presente em outros documentos curriculares. Além disso, observamos uma alta frequência de conceitos, mas baixa de valores e formas de participação nos objetivos de aprendizagem e uma presença mais marcante nos níveis escalares micro e macro que não foi observado para o nível meso. Os resultados da análise expõe alguns desafios das futuras atualizações do documento curricular de Ciências, como a maior articulação entre as questões ambientais e sociais, uma possível inserção dos ODS no currículo de forma transversal e complexa, a fim de articular aspectos locais e globais e também trabalhar em cima de uma maior associação entre conceitos, valores e formas de participação com o objetivo de fomentar uma educação ambiental na perspectiva crítica, emancipadora e transformadora.

Palavras-chave: Ciências, complexidade, currículo, Educação Ambiental crítica, Objetivos do Desenvolvimento Sustentável, ODS.

Aprendizagem Epistêmica e Gênero: um olhar para as salas de aula de Ciências

BARROS, Carolina M. M.; SILVA, Máira B.

Uma vez que a Ciência é uma prática social, a construção de conhecimento em salas de aula de ciências se baseia na existência de interações entre os estudantes, de maneira que possam conhecer e vivenciar as práticas científicas. No entanto, é também influenciada por valores contextuais, que são aqueles associados às construções socioculturais, dentre as quais analisamos as questões de gênero. Para que o conhecimento construído seja pautado por critérios epistêmicos, é necessário que sejam mobilizadas normas como a existência de fórum, receptividade à crítica, igualdade moderada e padrões públicos de análise. Acreditamos que a construção de conhecimento pautada por critérios epistêmicos se torna possível em um ambiente de aprendizagem equitativo, onde alunas e alunos tenham voz e visibilidade distribuída entre todas e todos. Analisamos a ocorrência das práticas epistêmicas em um grupo de quatro estudantes (duas meninas e dois meninos) que realizavam atividades de uma sequência didática investigativa em aulas de Biologia. A partir da análise dos turnos de participação, determinamos quantitativamente a voz de cada estudante. Posteriormente, analisamos qualitativamente a distribuição de visibilidade entre os estudantes. Isso nos permitiu também identificar a existência ou não das normas de construção do conhecimento e como ocorriam nas interações daquele grupo. Percebemos que havia um desequilíbrio na visibilidade das ideias de alunos meninos e alunas meninas. Ainda que as meninas possuíssem mais voz, suas ideias tinham menos visibilidade e precisavam se engajar em mais práticas epistêmicas para que fossem consideradas. Acreditamos que estes resultados indicam a necessidade de mediação para que as salas de aula sejam ambientes mais equitativos, de forma que os valores contextuais não influenciem tão fortemente a construção de conhecimento.

Palavras-chave: aprendizagem epistêmica; equidade; gênero.

Avaliação do conhecimento do público em geral sobre os habitats marinhos bentônicos do Brasil

FRANCO, Donovan H. N. B. C.; BERCHEZ, Flávio A. S.

O litoral brasileiro, conta com grande diversidade de habitats marinhos, entre eles Manguezais, Marismas, Praias Arenosas, Costões Rochosos, Bancos de Rodolitos e Recifes de Corais, fundamentais para a manutenção da vida, prestando serviços ecossistêmicos de grande importância nacional e planetária. São fundamentais para a segurança alimentar da população litorânea e fornecem produtos, matérias primas e alimentos para todo o país. O conhecimento sobre eles é baixo tanto na população em geral como no público universitário. O objetivo deste estudo foi validar um questionário elaborado para analisar, de forma quantitativa, o conhecimento do público geral sobre os habitats marinhos. Para tanto, o questionário, contendo 20 questões, foi divulgado pela internet através de snowball, resultando em uma pré-amostra com $n = 67$ participantes. O conhecimento foi avaliado através da nota média obtida, em dois eixos, Escolaridade e Área de Formação, divididos em grupos, respectivamente “ensino básico, graduação e pós-graduação” e “Humanas, Exatas e Biológicas”. Para validação do questionário foram avaliados, a partir do padrão da amostra, a Suficiência Amostral (Teste do Erro Padrão), a Normalidade (Teste de Shapiro-Wilk), a Homocedasticidade (Teste de Levene) e a Confiabilidade (ALFA de Cronbach). A Suficiência amostral variou de $n = 4$ no grupo Exatas a $n = 15$ no grupo pós-graduação. A Normalidade, não foi atingida nos grupos pós-graduação e Biológicas, e a Homocedasticidade, foi atingida em todos os grupos do eixo Área de Formação. A Confiabilidade variou de 0,407 (consistência interna razoável), sendo considerada razoável, no grupo Humanas a 0,835 (consistência interna quase perfeita) no grupo Exatas, podendo ser categorizada como excelente.

Palavras-chave: Confiabilidade; Conhecimento; Habitats marinhos; Homocedasticidade; Normalidade; Suficiência amostral.

Biodiversidade nos objetivos de aprendizagem dos currículos da cidade de São Paulo de Ciências e no documento educação para os ODS

SCHIAVO, Carolyne G.; SILVA, Rosana L. F.

O conceito de biodiversidade é essencial para ser trabalhado no ensino de Ciências e em abordagens de educação para a sustentabilidade. No entanto, esse conceito envolve variados significados. Nos apoiando na educação ambiental crítica, este trabalho teve por objetivo analisar como o conceito de biodiversidade é apresentado nos objetivos de aprendizagem do documento “Currículo da Cidade Ensino Fundamental- Ciências Naturais”, no “Currículo da Cidade Ensino Médio - Ciências da Natureza e suas Tecnologias” e no documento da UNESCO “Educação para os Objetivos de Desenvolvimento Sustentável” de acordo com as três esferas elaboradas por Thiemann em 2013, que agrupam 16 conceitos de biodiversidade em 3 aspectos fundamentais da educação ambiental propostos por Carvalho et al. (1996), nos objetivos de aprendizagem articulados explicitamente com o termo biodiversidade, os ODS Vida Terrestre e Vida na Água. Utilizamos a análise de conteúdo como base metodológica, sendo os objetivos de aprendizagem o corpus de análise, que foram categorizados dentro das esferas de Thiemann: esfera de valores, esfera de conhecimentos científicos e esfera de atuação. Foram contabilizadas as unidades de análise em cada categoria e foram calculadas as frequências. As frequências obtidas para os Currículos da Cidade foram de 78,13% (Ensino Fundamental) e 57,14% (Ensino Médio) de objetivos de aprendizagem na esfera de conhecimentos científicos, as demais esferas obtiveram frequências mais baixas em ambos documentos. Já no documento “Educação para os ODS” as frequências obtidas foram de 45,31% (esfera de valores), 39,06% (esfera de conhecimentos científicos) e 31,25% (esfera de atuação). Os resultados apontam que em relação à biodiversidade, há uma preocupação do documento da UNESCO no desenvolvimento do educando de acordo com as três esferas, e ambos os documentos “Currículo da Cidade para o Ensino Fundamental” e “Currículo da Cidade para o Ensino Médio” exploram em sua maioria apenas a dimensão conceitual, com poucas referências à dimensão de valores e forma de participação.

Palavras-chave: biodiversidade; Currículo da Cidade; educação ambiental; ODS.

Compreensão sobre correlação e causalidade em fisiologia: análise de uma sequência didática sobre variação da microbiota em seres humanos

CAMPOS, Beatriz B.; SILVA, Maíra B.

Correlação e causalidade são conceitos de extrema importância, não somente para o entendimento de conhecimentos científicos, mas também para a tomada de decisões eficazes no cotidiano das pessoas. Porém, tais conceitos são comumente confundidos ou mal interpretados. Este trabalho pretende desenvolver, validar e aplicar uma sequência didática (SD) para avaliar o conhecimento de estudantes do ensino médio sobre correlação e causalidade e analisar as atividades que melhor favorecem o desenvolvimento de tais conceitos por parte dos estudantes. A SD desenvolvida teve como tema a microbiota intestinal, por ser um assunto atual, relacionado ao cotidiano dos estudantes e ter um grande número de variáveis associadas, sendo assim um bom contexto didático para se trabalhar correlação e causalidade. Na primeira etapa do trabalho a SD foi validada por professores do ensino básico através de um questionário, que recebeu, majoritariamente, respostas positivas acerca dos conceitos abordados, da relevância do tema e do cumprimento dos objetivos. A validação também foi importante para fazermos algumas alterações que ampliaram a aplicação da SD para diferentes contextos, tornando-a mais inclusiva. Durante a segunda etapa da pesquisa, a SD foi aplicada, de forma remota, devido a pandemia da COVID-19, nas aulas de biologia de uma turma da 3ª série do Ensino Médio. A coleta de dados foi feita através do recolhimento das atividades assíncronas e da gravação e transcrição das aulas online e foram analisados os dados de três atividades. Verificamos que os estudantes costumam inferir causalidade através de dados que demonstram correlações e que tal erro persistiu mesmo após a aplicação completa da SD. Também percebemos que conhecimentos prévios dos estudantes interferem na percepção das relações entre variáveis, influenciando na ocorrência deste erro. Acreditamos que a aplicação no formato de ensino remoto tenha influenciado nos resultados obtidos, dificultando a compreensão dos conceitos por parte dos estudantes. Desta forma, sugerimos novos estudos, tanto sobre como favorecer a distinção entre correlação e causalidade por parte dos estudantes, quanto sobre a influência dos conhecimentos prévios na interpretação de dados sobre correlação e causalidade.

Conhecimentos sobre ensino de Ciências por Investigação mobilizados por professores de ciências ao avaliar sequências didáticas investigativas

MARINS, Marina T.; SILVA, Maíra B.; SCARPA, Daniela L.

O ensino de Ciências por Investigação é uma abordagem didática que abrange “objetivos de ensino conceituais, epistêmicos e sociais, além de conteúdos significativos para os estudantes, criando oportunidades para que estes se alfabetizem cientificamente vivenciando diferentes práticas similares às da comunidade científica” (Carvalho, 2018). Sendo assim, é uma abordagem didática que favorece a aparição dos três domínios do conhecimento científico propostos por Duschl (2008) na sala de aula ao pautar o domínio conceitual, epistêmico e social como objetivo. Apesar disso, a ênfase em cada um dos domínios é diferente tanto pela maior presença do domínio conceitual (Souza & Silva, 2021), quanto pela concepção dos professores, que acaba influenciando na escola de objetivos a serem trabalhados (Lotter et al., 2007). O objetivo do presente trabalho é analisar a mobilização das concepções sobre ensino de Ciências por Investigação, especificamente, sobre os domínios do conhecimento científico, por professores de ciências ao avaliar sequências didáticas pautadas nesta abordagem metodológica. Para isso, foi analisada a transcrição de um encontro do curso de formação fornecido pela secretaria Municipal de Educação de São Paulo com professores da rede municipal responsáveis pela disciplina de Ciências. Os episódios foram construídos a partir da identificação de pontos de conflitos (*frameclashes*) ao longo do diálogo deste encontro. Neste trabalho, podemos identificar o papel atribuído pelos professores aos diferentes domínios do conhecimento científico a partir da análise das atividades presentes no Caderno da Cidade do município de São Paulo.

Palavras-chave: Caderno da Cidade; Domínios do conhecimento científico; Ensino de Ciências por Investigação; Formação de professores.

Educação ambiental em um coletivo de sustentabilidade escolar no Ensino Médio

OLIVEIRA, Caio F. J.; SILVA, Rosana L. F.

A Educação Ambiental no ensino básico se mostra cada vez mais importante em meio à crise ambiental que vivemos. Uma das formas de incentivá-la no ambiente escolar é através da formação de Escolas Sustentáveis. A Comissão Ambiental da Biologia, projeto de extensão de Educação Ambiental do IB-USP, realizou em 2018 a criação de um coletivo de sustentabilidade escolar com alunos da ETEC Raposo Tavares seguindo a concepção de Escolas Sustentáveis. Este coletivo, auto intitulado Raposo Ecológica (RECO), tornou-se autônomo em 2019 e apesar da pandemia de COVID-19 ter paralisado as atividades escolares por um ano e meio o coletivo se reinventou em 2021 para seguir atuando e interagindo com a comunidade escolar através de um perfil educativo no Instagram. Este trabalho teve como objetivo compreender a situação atual desse coletivo. Para isso foi realizada análise de conteúdo das postagens no perfil, categorizando os temas abordados, o tipo de engajamento do público e que tipo de ação é proposta para as questões socioambientais apresentadas. Também foi realizada entrevista com 3 dos 10 integrantes atuais do projeto, todos informados e consentindo em participar da pesquisa e quando necessário apresentando consentimento dos responsáveis legais. Buscou-se nas falas dos sujeitos os processos coletivos que resultaram nas ações virtuais, assim como identificação da presença ou ausência dos elementos teóricos presentes na concepção do projeto em 2018. Os resultados mostram grande variedade de temas abordados pelo coletivo, predominando Impactos Ambientais com 33 aparições mas havendo grande aparição de temas políticos, impactos sociais, questões locais e globais e questões de saúde humana, mostrando proximidade com a vertente de Educação Ambiental crítica utilizada na formação do projeto. Integrantes atuais não possuem conhecimento dos referenciais teóricos iniciais, porém não se afastaram drasticamente deles em sua prática atual. Comparados com os resultados de pesquisa feita com o coletivo ao fim de 2018, os sujeitos mostram grande desenvolvimento de autonomia, confiança e crença em sua capacidade de atuação coletiva.

Palavras-chave: Educação Ambiental; Ensino Médio; Escolas Sustentáveis; Ativismo Jovem.

Engajamento Parental na Divulgação Científica em Transtorno do Espectro Autista (TEA)

SOARES, Mirelly; HIPÓLITO, Bianca; BIZERRA, Alessandra; BEZZON, Rodolfo

A divulgação científica (DC) sobre o Transtorno do Espectro Autista (TEA) vem se constituindo como uma importante ferramenta para a comunicação entre sujeitos e coletivos envolvidos com o tema. Estima-se que uma a cada cem crianças sejam diagnosticadas com TEA e apesar de ser uma condição frequente na população, o portador de TEA pode apresentar uma diversidade de comportamentos e manifestações que tornam o diagnóstico complexo. Nesse contexto, as dificuldades enfrentadas pelo indivíduo com TEA trazem impactos não apenas para a vida do sujeito, mas também para seu grupo familiar. Os efeitos estressantes para a família dependem da severidade das características e também de outras variáveis, como a disponibilidade de recursos comunitários e sociais. Dessa maneira, a busca por informações sobre o tema, a luta por políticas públicas que atendam às necessidades das famílias, a formação de redes de apoio e trocas de informações entre familiares e especialistas pode ser de grande auxílio no dia a dia dessas famílias. Nesse sentido, muitos familiares de portadores de TEA participam em processos de divulgação científica sobre o tema. A divulgação científica é compreendida aqui como importante elemento cultural na circulação de informações, valores e atitudes sobre o tema. Para compreender os modos de participação dessas famílias nesses processos, foi utilizado como ferramenta teórico-metodológica o Circuito da Cultura. Foram elaborados e aplicados questionários destinados aos responsáveis legais de crianças com TEA com divulgação realizada por associações. A partir destes questionários, foi possível fazer aproximações entre elementos do Circuito às respostas dos participantes. Observou-se a relevância dos relatos e das trocas com outros familiares de pessoas com TEA para este público, além do papel importante das redes sociais na circulação de informações e do conhecimento enquanto ferramenta para alteração de comportamentos e práticas. Apesar de muitos pais relatarem a produção e compartilhamento de informações, não se consideram divulgadores científicos, o que consideramos poder estar ligado à ideia de ciência que podem ter.

Estratégias didáticas em sequências de ensino baseadas no Ensino de Ciências por Investigação: caracterizando a complexidade da metodologia

SERVA, Ana A. A.; SILVA, Máira B.

O Ensino de Ciências por Investigação (EnCI) é uma metodologia altamente recomendada na área. Entretanto, é frequentemente mal compreendido, sendo muitas vezes relacionado apenas a atividades mecânicas e acríticas. Visando resolver essa questão, o presente trabalho teve como objetivo caracterizar o EnCI através da análise da relação entre as estratégias didáticas mobilizadas, as fases do ciclo investigativo e o EnCI de forma geral em sequências de ensino. Para o estudo, foram analisados os materiais didáticos de Ciências Naturais da rede pública municipal de São Paulo, que são compostos somente por sequências didáticas investigativas. As fases do ciclo investigativo consideradas foram as delimitadas pela revisão de Pedaste et al. 2015, que o divide em: i) orientação; ii) conceitualização; iii) investigação; iv) conclusão; e v) discussão. Como resultados, foram identificados seis blocos de estratégias didáticas comuns: i) obtenção e análise de dados; ii) uso de texto; iii) hipóteses e resolução de problemas; iv) pergunta investigativa; v) exposição/ exposição dialogada; e vi) compartilhamento de ideias. Os blocos i e vi se mostraram os mais presentes, sendo o primeiro mais relacionado à obtenção e análise de dados de natureza não empírica, ou seja, não necessariamente ligados à experimentação. Dessa forma, mapeamos o EnCI não como uma metodologia que tenta mimetizar a ciência de forma mecânica, mas sim como uma composição de estratégias didáticas ativas que estimulam a criação de um pensamento crítico no(a) estudante, e tendo a comunicação entre pares como peça essencial.

Investigações dos séculos XVI ao XVIII sobre os lagartos brasileiros: Estudo de caso sob a lente da arqueologia de Foucault

OLIVEIRA, Danilo S., PRESTES, Maria E. B.; FRANÇA, Daniella P. F.

A presente pesquisa em História da Ciência (História da Zoologia) tomou como estudo de caso as observações e descrições de lagartos nas produções de História Natural do Brasil Colônia. O objetivo principal foi o de comparar registros em obras dos séculos XVI ao XVIII, para identificar particularidades metodológicas e epistemológicas no estudo dos animais. A análise das obras foi baseada na noção de "arqueologia do saber" de Michel Foucault, apresentada em *As palavras e as coisas*, de 1962. O levantamento das obras que trataram de lagarto no período referido foi obtido em palestra ministrada pelo professor Miguel Rodrigues no IB-USP, no 2º semestre de 2019, e completado pela orientadora da pesquisa. Foi realizada leitura exploratória de cada uma das oito "fontes primárias" selecionadas. Os trechos sobre esses animais foram objeto de análise de conteúdo com o estabelecimento de categorias *a posteriori*, construídas com base no conhecimento biológico atual. Em seguida, realizou-se estudo da arqueologia do saber segundo Foucault. Ao Renascimento, século XVI, Foucault atribuiu o "saber das semelhanças", enquanto à Idade Clássica, séculos XVII e XVIII, o "saber da ordem". Essas duas epistemes, agora categorias *a priori*, guiaram a re-análise das quatro obras de cada período, a saber, de Staden, Léry, Gabriel Soares de Souza e Anchieta, e de d'Évreux, Marcgraf, João Daniel e Alexandre Rodrigues Ferreira. O resultado obtido foi o de grande coincidência entre as duas categorizações, concluindo-se que a episteme de Foucault reflete, sim, e em grande medida, os dados empíricos, isto é, os caracteres morfológicos e anatômicos dos animais. A única dissonância significativa foi no que diz respeito à periodização, pois foi encontrada alguma sobreposição das epistemes, e não rupturas temporalmente abruptas conforme o modelo da historiografia fortemente descontínuista de Foucault. Por outro lado, a análise das obras mediante as lentes das epistemes de Foucault mostrou-se constituir ferramenta filosófica de grande potencial para o ensino e aprendizagem de zoologia. Ela oferece, para além dos conhecimentos prontos e estabelecidos, uma noção de como se modificaram ao longo da história da ciência e como foram, e são, sustentados em concepções teóricas, implícitas ou explícitas.

Palavras-chave: arqueologia do saber, História da Zoologia, Idade Clássica, lagartos, Michel Foucault, Renascimento

O HIV e a Aids nas escolas: De que formas essa temática é apresentada por professores?

LUCCI, Pietro T.; KAUANO, Rafael V.

O HIV e a Aids são elementos que contemplam diversos campos além daqueles de caráter científico e virológico. Neste trabalho, buscamos investigar quais abordagens são utilizadas por professores de Biologia no ensino desta temática e discutir as formas como ela aparece em documentos curriculares brasileiros. Analisou-se, primeiramente, os Parâmetros Curriculares Nacionais e da Base Nacional Comum Curricular. Os PCN tendem a tratar de tópicos mais plurais, ultrapassando uma perspectiva meramente biológica, enquanto a BNCC apresenta um reducionismo que invisibiliza questões sociais. Em seguida, desenvolveu-se um questionário contendo perguntas e afirmativas ligadas a aspectos do ensino de HIV/Aids e ao contexto escolar, que foi lançado a professores. Os dados do questionário foram interpretados qualitativamente em consonância com estudos bibliográficos que nos auxiliaram na criação de três dimensões (científico-biológica, científico-tecnológica e sociocientífica) e que foram pilares à investigação. As respostas obtidas nos revelaram que há uma tendência de que este conteúdo seja contemplado tanto em aulas de virologia quanto de educação sexual e que existe uma inclinação a uma abordagem profunda da dimensão científico-biológica. Alguns pontos específicos são protagonistas no que se refere ao ensino no âmbito científico-tecnológico, como a camisinha, que ofusca outras tecnologias (PrEP e PEP, por exemplo). Existe uma propensão ao englobamento de aspectos sociocientíficos no ensino de HIV e Aids, mas há uma nítida sobreposição do enfoque biológico frente a questões que fogem deste campo. As famílias dos estudantes são vistas majoritariamente como conservadoras, o que pode mostrar que professores estão inseridos em um meio social complexo e que suas abordagens podem ser influenciadas pelas demandas de tais contextos. Nesse sentido, compreendemos que, apesar de a evolução nos documentos curriculares tenderem a se direcionar ao apagamento deste tópico, há um número significativo de participantes do questionário que busca trazer a dimensão social às suas aulas, mesmo que de forma acessória. Tal fato pode estar atrelado ao recorte etário envolvido na pesquisa, já que a maior parte dos respondentes possuem menos que 40 anos, o que corresponde à geração dos *Millennials* que, no geral, estão inclinados a abordarem questões consideradas mais progressistas.

Palavras-chave: abordagens de ensino, Aids, HIV.

Os domínios conceitual, epistêmico e social do conhecimento científico no currículo de ciências da cidade de São Paulo

SOUZA, Caique O.; SILVA, Maíra B.

Nesta pesquisa analisamos a presença dos domínios conceitual, epistêmico e social no Currículo da Cidade da disciplina de ciências do município de São Paulo, documento curricular que se pauta na perspectiva da Alfabetização Científica (AC) para definir seus objetivos de aprendizagem. Para tanto, utilizamos a análise de conteúdo com categorização temática considerando os três domínios do conhecimento como categorias analíticas definidas a priori. Encontramos uma predominância do domínio conceitual, seguido dos domínios epistêmico e social. Concluímos que o documento curricular pode contemplar os três eixos da AC sem alcançar o equilíbrio e a integração dos três domínios do conhecimento científico, o que ainda se coloca como um desafio para o ensino de ciências.

Palavras chave: alfabetização científica, domínios do conhecimento científico, ensino de ciências.

OUTRAS UNIDADES

*Centro de Biologia
Marinha
(CEBIMar-USP)*

Biologia reprodutiva de *Palythoa caribaeorum* (Duchassaing & Michelotti, 1860) e *Protopalythoa variabilis* (Duerden, 1898) (Cnidaria, Hexacorallia, Zoantharia): liberação de gametas *in situ* e descrição dos estágios iniciais de desenvolvimento

ALVES, Geyce A.; MIGOTTO, Alvaro E.

A fim de compreender a ausência de registros de liberação de gametas e larvas das duas espécies de zoantários mais comuns na costa brasileira, *Palythoa caribaeorum* e *Protopalythoa variabilis*, aspectos da biologia reprodutiva de ambas foram investigados em colônias presentes no Canal de São Sebastião, litoral norte de São Paulo, através de oócitos obtidos *in situ* com coletores (n=9) confeccionados com malha de náilon de 200 μm , posicionados sobre colônias durante os períodos de lua cheia entre outubro de 2019 e fevereiro de 2021. Não foi observada a liberação de gametas por *P. caribaeorum*, o que pode estar associado a variações interanuais no processo de reprodução sexuada. *P. variabilis*, por sua vez, liberou oócitos com diâmetros de, em média, 360 μm (mín.=310 μm , máx.=410 μm) durante três noites consecutivas a partir da lua cheia de fevereiro de 2020. Três dias após o último dia de liberação, observou-se o desenvolvimento de embriões ciliados, os quais não chegaram à maturidade, inviabilizando a descrição do desenvolvimento larval. Para determinar o estado reprodutivo das colônias, pólipos foram dissecados durante todo o período de amostragem *in situ*, revelando gônadas femininas de *P. variabilis*, as quais foram coradas com Bórax carmim e montadas em lâminas totais permanentes; com relação à *P. caribaeorum* encontramos pólipos apenas com vesículas espermáticas (~173 μm). Considerando o caráter exploratório do presente trabalho e seus resultados, é possível atestar a eficiência do coletor na obtenção de gametas *in situ* que apresentam flutuabilidade positiva e diâmetro acima de 200 μm , bem como constatar a ocorrência de reprodução sexuada pelas colônias amostradas de *P. variabilis*, processo que parece estar sincronizado com pelo menos uma fase lunar, fenômeno comum entre antozoários. Assim, para compreender o desenvolvimento e comportamento larval de ambas as espécies faz-se necessário um maior esforço amostral.

Palavras-chave: *Palythoa*, *Protopalythoa*, reprodução sexuada, Zoantharia.

Variação Sazonal da Abundância de *Synechococcus* nas Águas do Canal de São Sebastião

TRABULSI, Viviane; CIOTTI, Áurea Maria

O fitoplâncton marinho tem papel fundamental nos ciclos biogeoquímicos e cadeias tróficas do oceano, além de ser responsável por cerca de metade da produção primária global. Este é composto por diversos organismos de filogenias e tamanhos variados. A *Synechococcus* é uma cianobactéria pertencente ao picoplâncton, que são os organismos menores que 2 μm do fitoplâncton. Trata-se do organismo fotossintetizante mais abundante do planeta e ocupa, principalmente, águas costeiras de regiões subtropicais e águas oceânicas mesotróficas. As alterações do ambiente, como mudanças de temperatura, salinidade e quantidade de nutrientes influenciam na abundância dessa cianobactéria e, por isso, estudar suas variações sazonais são essenciais diante do cenário de mudanças climáticas. No presente trabalho, foi descrito como a abundância da *Synechococcus* varia no Canal de São Sebastião em diferentes épocas do ano. O estudo foi feito com dados obtidos durante o Projeto Temático Araçá e fornecidos para a execução deste trabalho. Foram realizadas coletas de água do mar do Canal de São Sebastião, localizado na plataforma continental interna sudeste brasileira, entre setembro de 2013 e agosto de 2014. Em cada ponto amostrado foram realizadas medidas de temperatura e salinidade com um CTD e contagem das células da *Synechococcus* com um citômetro de fluxo. As abundâncias da *Synechococcus* apresentaram valores mais baixos em alguns meses do inverno e picos durante o verão, indicando uma variação temporal. Entretanto, não foi encontrado um ciclo sazonal claro em sua abundância, devido à ocorrência de valores altos em meses do outono e inverno. Além disso, os resultados da variabilidade das abundâncias sugerem que as mesmas dependem de outras variáveis além da temperatura e da salinidade. As abundâncias de *Synechococcus* permaneceram acima de $3,36 \times 10^4$ cel/ml durante todo o período amostrado, com máximos de $2,45 \times 10^5$ cel/ml, indicando a importância desse organismo para esse ecossistema oligo-mesotrófico.

Palavras-chave: Fitoplâncton, picoplâncton, cianobactéria, *Synechococcus*.

*Escola de Artes,
Ciências e
Humanidades
(EACH-USP)*

O uso de corantes naturais na moda íntima: vantagens e aceitação pelo mercado

POLLI, Laura V.; ARAÚJO, Maurício C.

O mundo moderno pede por uma indústria sustentável, uma marca que atue com responsabilidade sobre suas ações e que preze pelo respeito dele e das comunidades que o habitam. Assim, diversas empresas têxteis brasileiras, estão desenvolvendo produtos que são fabricados de maneira sustentável e com responsabilidade social. O corante natural entra exatamente nesse ponto, pois a produção têxtil que o utiliza visa um desenvolvimento sustentável com responsabilidade socioambiental. A ideia do projeto é utilizar esse corante para a produção de uma linha de lingerie, pois além dos valores culturais envolvidos na produção, os consumidores também buscam produtos que ofereçam conforto e higiene e que não exalem odores durante o uso, características essas oferecidas pelos compostos presentes nos corantes naturais. O objetivo do trabalho é mostrar as vantagens desse tipo de tingimento e ver a aceitação do produto no público-alvo. Para testar a aplicabilidade dessa ideia, criamos um curto vídeo explicando como essas peças são feitas além das vantagens e desvantagens da utilização dos corantes naturais na moda íntima. Após o vídeo será feita uma série de perguntas para analisar se as clientes comprariam de fato essa nova linha de peças mesmo com um preço maior, devido a exclusividade, qualidade e valor intrínseco de cada uma das peças. As entrevistadas foram clientes de uma marca que já trabalha com corantes naturais e que possui diversas ações socioambientais. Os resultados encontrados mostram que há uma grande aceitação desse produto no mercado, entretanto ainda há uma falta de prioridade quanto ao modo de produção envolvido, deixando a sustentabilidade em segundo plano na tomada de decisão de compra. Por fim, nota-se que há um crescimento grande sobre as tecnologias necessárias para uma melhor utilização dos corantes obtidos de fontes naturais, entretanto, ainda há uma série de desafios técnicos em cada uma das áreas de aplicação do corante natural que devem ser superados antes que essas tecnologias possam ser adotadas, na prática, em indústrias que produzem em larga escala. Entretanto, a perspectiva é de crescimento e boa aceitação para empreendimentos que apostem em desenvolvimento sustentável.

Palavras-chave: Ação antimicrobiana; Sustentabilidade; Tingimento têxtil.

*Faculdade de Filosofia,
Letras e Ciências
Humanas
(FFLCH-USP)*

Uma Introdução à História da Embriologia

COSTA, Ísis F. R.; MAGALHÃES, Gildo

Este trabalho possui como finalidade analisar a evolução histórica do conceito de embrião, por meio de uma introdução a *história da embriologia*. A relevância em se discutir o que seria um embrião se acentua devido às preocupações e implicações éticas, religiosas, culturais e sociais que permeiam os debates sobre aborto, fertilização *in vitro*, uso de células tronco e clonagem. Diante desse cenário, analisamos como filósofos, pensadores e pesquisadores consideraram as mudanças ao longo do tempo sobre o conceito de embriões, uma das categorias mais controversas dentro das ciências biológicas. Para tanto, além do alinhamento teórico-metodológico da História das Ideias, utilizamos as reflexões de *Aristóteles, Lois Magner, Evelyn Fox Keller, Lewis Wolpert, Gildo Magalhães e Jane Maienschein*, entre outros, para ancorar a nossa reflexão, comparando e selecionando o mais interessante, para poder transformar este resultado em uma divulgação científica para público geral. Como resultados principais destacamos que foram analisados alguns dos principais pontos da evolução histórica do conceito de embrião, por meio de uma introdução à *história da embriologia*. Esta pesquisa constitui um registro, por meio de uma pequena síntese de alguns textos importantíssimos, para uma compreensão acessível aos alunos de ciências biológicas, biomédicas, medicina e todos os interessados no assunto. Pudemos constatar como é fundamental se debruçar nos estudos anteriores da história da biologia, pois rever essas visões é útil para nossas investigações presentes. A partir dessas leituras descobrimos novas informações, informações que não conhecíamos e que conseguimos conectar e também ficamos mais convencidos de estarem incompletas as informações que temos até agora, pois não conseguimos responder ainda a todas as indagações, muitas inclusive que foram aqui apresentadas. Também refletimos sobre como ocorrem essas interações para as formações e desenvolvimentos embriológicos, será que elas seriam possíveis de serem previstas, de serem “computadas”? A partir disso tudo, também pudemos pensar as implicações sociais de tantos questionamentos e descobertas, a relevância desse saber para a sociedade como um todo. A importância da coletividade celular e das possíveis atuações em rede dos genes no processo de desenvolvimento, remetem-nos à coletividade social de nossas ações, tanto na vida em sociedade, quanto no fazer ciência.

Palavras-chave: embriologia; história da biologia; coletividade; diferenciação, morfogênese.

*Faculdade de Medicina
de Ribeirão Preto
(FMRP-USP)*

Quantificação do efeito do espaçamento entre as regiões -35/-10 em promotores sintéticos bacterianos

CORBANI, Marina S.; ROCHA, Rafael S.

A biologia sintética, se propõe a engenheirar organismos sintéticos com novos comportamentos biológicos de maneira mais racional e previsível. Neste panorama, a caracterização de partes biológicas torna-se fundamental para que a manipulação gênica possa ser feita de maneira efetiva e complexa. Enquanto muitos trabalhos na literatura têm investigado o efeito das sequências contidas nas caixas -35/-10 na atividade final dos promotores que as contém, poucos estudos visam caracterizar de maneira sistemática o efeito do espaçamento entre essas caixas na atividade promotora. Assim, este trabalho visa a investigação do efeito do espaçamento entre as regiões reconhecidas pela RNA polimerase bacteriana associada ao fator $\sigma 70$. No presente plano de trabalho, foi avaliada a atividade promotora de quatro promotores constitutivos sintéticos bacterianos, sendo eles PJ100, PJ106, PJ105, PJ114 e PJ113, disponibilizados no [Registry of biological parts](#), um banco de dados de biologia sintética originado pela competição internacional *iGEM* (*International Genetically Engineered Machine*), todos eles contendo o espaçamento ideal de 17 pares de base entre as sequências consenso; e também quatro variantes de cada promotor, nas quais o espaçamento entre as caixas -35/-10 varia entre 15, 16, 18 e 19 nucleotídeos. Os promotores originais e suas variantes foram clonados no vetor pMRI, o qual contém o gene repórter GFP_{Iva}, e inseridas em bactérias do tipo *E. coli* DH10B. A atividade promotora foi analisada com o auxílio do leitor de placas Victor X3 (PerkinElmer), e expressa pela razão entre fluorescência e absorbância a 600nm, medida durante 8 horas. Como resultado, observou-se que os promotores utilizados são extremamente dependentes do espaçamento ideal de 17 p. b. entre as sequências consenso, uma vez que mesmo micro-alterações no espaçamento são capazes de diminuir drasticamente o nível de força dos mesmos – resultado consonante com a hipótese proposta. Além disso, apesar de não ter sido possível estabelecer um padrão entre força promotora e espaçamento, os resultados obtidos representam insumos para contribuir mais largamente com a alimentação do modelo preditivo *in silico*, e, com isso, pavimentar o caminho para a escalabilidade da aplicação dos promotores sintéticos.

*Instituto de Ciências
Biomédicas (ICB-USP)*

Avaliação da pluripotência e autorrenovação de células-tronco embrionárias murinas com expressão diferencial de STI1

SOUZA, Maria C.S.; LOPES, Marilene H.

As células-tronco embrionárias murinas (CTEm) representam um dos principais modelos de estudo utilizados para mimetizar o desenvolvimento inicial de mamíferos *in vitro*. Essas células possuem características intrínsecas como a pluripotência, e a autorrenovação, propriedades que requerem uma série de particularidades metabólicas, entre elas o aumento de síntese e expressão de chaperonas e co-chaperonas. *Stress Inducible Protein 1* (STI1) é uma proteína expressa por diferentes organismos, desde estágios iniciais do desenvolvimento. Sua atuação como co-chaperona, junto as proteínas de choque térmico HSP70 e HSP90, é importante na manutenção da maquinaria de homeostase proteica (proteostase). A depleção total da STI1 em camundongos é letal, levando a degeneração precoce do embrião, demonstrando uma função ainda inexplorada dessa proteína no desenvolvimento. Considerando essas descobertas, CTEm que superexpressam (STI1-OE) e que expressam uma forma reduzida e truncada de STI1 (STI1- Δ), comparadas ao tipo selvagem (STI1-WT), foram usadas como modelo para investigar a função desta co-chaperona na manutenção da pluripotência, autorrenovação e diferenciação celular. As células STI1-OE apresentam taxas de proliferação aumentadas, com diminuição da expressão de marcadores de dano ao DNA e apoptose em relação às células STI1-WT e principalmente STI1- Δ , evidenciando um possível efeito dos níveis dessa proteína na proliferação e resposta ao stress celular. Além disso, nossos dados também demonstram que STI1 pode ter um impacto na capacidade de diferenciação de CTEm, já que corpos embrióides formados de linhagens STI1- Δ possuem diâmetros reduzidos. Análises de expressão gênica mostram alterações nos níveis de fatores de pluripotência e níveis aumentados de fatores associados aos três folhetos germinativos em STI1- Δ , com uma tendência para mesoderme, corroborando nossa hipótese preliminar de que variações na expressão da proteína STI1 impactam processos celulares importantes em CTEm. Ainda, através de análises bioinformáticas, identificamos uma expressão diferencial de reguladores clássicos do ciclo celular, que podem ser alvos importantes a serem explorados futuramente. Juntos, esses resultados sugerem que a proteína STI1 está associada a autorrenovação, pluripotência e a diferenciação de CTEm, contribuindo no entendimento do controle pós-traducional desses processos, aspectos fundamentais que precisam ser melhor elucidados para a terapêutica com células-tronco.

Palavras Chave: Chaperonas; desenvolvimento; proliferação; viabilidade.

Caracterização genotípica e fenotípica de pacientes xeroderma pigmentosum

MELO, Danilo B. V.; MENCK, Carlos F. M.; CASTRO, Ligia P.

Introdução: Pacientes xeroderma pigmentosum (XP) apresentam deficiência em mecanismos de reparo de DNA induzidos pela luz UV. As principais características de XP são cânceres de pele e xeroses, nas regiões expostas à luz solar, e em alguns casos, neurodegeneração. Essa doença não apresenta cura ou tratamento, apenas medidas profiláticas que atenuem seus efeitos. **Objetivos:** Nesse projeto, analisou-se o efeito de acetoexamida, em células XP irradiadas com luz UVC. Também foi realizado o sequenciamento de DNA de pacientes XP brasileiros, e seus familiares, para o diagnóstico molecular de mutações. **Materiais e métodos:** Foram realizados ensaios de viabilidade celular (XTT) e sobrevivência celular (clonogênica), utilizando diferentes concentrações de acetoexamida, em células XP-C e controle. Além disso, foi realizado o sequenciamento do DNA, pela metodologia Sanger e Sequenciamento de Nova Geração (NGS), extraído de amostras (saliva ou sangue) de pacientes XP, para caracterização genotípica. Os resultados foram submetidos em nosso banco de dados e laudos genéticos foram produzidos para os pacientes e familiares. **Resultados:** Nossos resultados apontaram a ausência de um efeito protetor de acetoexamida sobre as células XP-C ou controle irradiadas com UVC. Esses dados negativos foram preliminarmente confirmados em células XP-A. O banco de dados conta com mais de 300 amostras, sendo 135 destas de pacientes afetados por síndromes de reparo. As mutações mais frequentes na população XP do Brasil foram XPC c.2251-1G>C intron 12 (Cartault et al., 2011), XPV c.764+1G>A intron 6 XPV c.907C>T e p.Arg303X exon 8 (Munford, Castro et al., 2017). Nosso estudo com o diagnóstico molecular de um cluster genético resultou em um trabalho aprovado para publicação (ID 784963) - *Frontiers in Genetics*, section Genetics of Common and Rare Diseases, com 7 pacientes de Montanhas-RN. **Conclusões:** O pré-tratamento com acetoexamida não protegeu células XP-C, irradiadas com luz UVC. Por isso, o fármaco não poderá ser usado como tratamento para células XP. O trabalho realizado ao longo desse período fornece apoio e diagnóstico molecular para pacientes e familiares do país, permitindo também identificar novas mutações e determinar a distribuição dos genes mutados nos pacientes XP do Brasil.

Palavras-chave: xeroderma pigmentosum, reparo de DNA, mutações XP.

Estudo da diversidade do gene parcial COI em parasitas do gênero *Eimeria* de tamanduá-bandeira (*Myrmecophaga tridactyla*)

RIBEIRO, Milena; MADEIRA, Alda

Os parasitas do gênero *Eimeria* infectam diversos hospedeiros vertebrados, são causadores da coccidiose e são parasitas hospedeiros-específicos. A transmissão de *Eimeria* ocorre via oral-fecal, seu ciclo de vida é monoxênico e possui três fases principais: esporogonia, merogonia e gametogonia. O tamanduá-bandeira (*Myrmecophaga tridactyla*) é classificado como espécie vulnerável pela IUCN e pelo ICMBio e é vulnerável para o contágio por *Eimeria*, pois utiliza suas garras dianteiras para se alimentar de formigas e cupins. O objetivo deste trabalho foi estudar a diversidade do gene parcial COI em parasitas do gênero *Eimeria* de tamanduá-bandeira, visto que este gene é um bom marcador para clados coccidianos (OGEDENGBE et al., 2011). Para tanto, a partir de resultados de projetos anteriores foram realizados: a PCR de colônia do gene parcial COI de *Eimeria* de 9 tamanduá-bandeira, o sequenciamento das amostras e a análise, utilizando os programas Tracy; DNA Baser Assembler, CD-HIT e a construção de árvores filogenéticas pelo IQ-tree. Ao todo foram analisadas 332 sequências de *Eimeria* de tamanduá-bandeira, as quais serão disponibilizadas no NCBI e foram obtidas árvores filogenéticas com 3 clusters de tamanduá-bandeira, sendo dois grupos bem similares. Embora os resultados sejam inéditos por não haver dados moleculares de *Eimeria* em tamanduá-bandeira disponíveis e dada a impossibilidade de separar as espécies, sabemos que a filogenia baseada em um único gene não pode ser considerada a filogenia correta, então é importante que os próximos passos sejam: realizar estudos futuros com 18S e realizar estudos comparativos entre *Eimerias* de tamanduá-bandeira e de tamanduá-mirim, visto que há relatos de mesma espécie de *Eimeria* em tamanduá-bandeira infectando tamanduá-mirim.

Palavras-chave: Caracterização molecular, *Eimeria*, gene COI (subunidade I da citocromo c oxidase), tamanduá-bandeira.

Estudo da expressão de moléculas envolvidas em *stemness* em células-tronco de glioblastoma depletadas para proteína prion

FORTES, Ailine C. S.; PRADO, Mariana B.; LOPES, Marilene H.

O glioblastoma multiforme (GBM) é um tumor do Sistema Nervoso Central (SNC), formado por células derivadas da glia, sendo a forma mais agressiva, letal e comum dos gliomas. O GBM é caracterizado pela sua heterogeneidade celular, caracterizado pela presença de diferentes populações celulares no tecido tumoral que respondem de forma diferente às terapias, tornando-o um desafio terapêutico. Estudos recentes sugerem que a progressão e a reincidência do GBM são moduladas por uma subpopulação de células tumorais, as células-tronco de glioblastoma (CTGs). As CTGs são caracterizadas pela capacidade de iniciarem o crescimento, invasão e angiogênese do tumor, e pela autorrenovação, proliferação e diferenciação em toda a variedade de células que compõem o tumor. A proteína prion celular (PrP^C) é um glicosilfosfatidilinositol (GPI) – proteína ancorada de membrana, que se têm mostrado como um importante modulador de várias funções nas CTGs, como na regulação da proliferação e autorrenovação. PrP^C é considerado uma proteína *scaffold*, sendo capaz de interagir com diferentes ligantes tais como proteína de matriz extracelular, formando complexos multiproteicos na superfície celular. Diante disto, buscamos com este projeto analisar o nível de expressão proteica de marcadores de *stemness* em CTGs de linhagens com expressão diferencial para PrP^C. Para isso foi utilizado as linhagens comerciais U251 e U87 (*wild type* e nocaute para PrP^C), nas condições de monocamada e neuroesfera, como modelo celular. Foi realizado ensaios de *Western Blotting* para averiguar a expressão de marcadores de células-tronco como CD44 e moléculas essenciais na manutenção do GBM como EGFR e ensaios de imunofluorescência para averiguar a localização de proteínas envolvidas com a pluripotência e diferenciação celular como SOX9 e Musashi 1. A análise dos dados de sequenciamento de RNA em larga-escala (RNA-seq) permitiu ter uma visão das vias que se encontram alteradas devido a depleção de PrP^C nas linhagens celulares U87 e U251 nocautes para PrP^C. Os achados do projeto contribuem para a identificação do perfil das CTGs e entender o papel de PrP^C como proteína *scaffold*, diretamente envolvida na manutenção de uma subpopulação essencial para o desenvolvimento do GBM.

Palavras-chave: câncer, células-tronco de glioblastoma, glioblastoma, prion, *stemness*.

Resumo pesquisa em biologia: estudo da regulação gênica em resposta à baixa temperatura em *Caulobacter*

MARTINS, Bianca P.; MARQUES, Marilis V.

Caulobacter crescentus é uma alfa-proteobactéria de vida livre capaz de ocupar ambientes suscetíveis a mudanças de temperatura, apresentando também tolerância ao congelamento. No estresse frio, a bactéria modula sua expressão gênica para adquirir capacidade de remediar os problemas trazidos pela queda de temperatura. Dentre os genes induzidos nesta situação estão as RNA helicases, proteínas responsáveis por desfazer estruturas secundárias de mRNA que tendem a se formar em baixas temperaturas. Em *C. crescentus*, sabe-se que a deleção da helicase DbpA causa um fenótipo de sensibilidade ao frio. Assim, o presente trabalho buscou entender aspectos da resistência ao frio de *C. crescentus* através de duas frentes experimentais: na primeira foi averiguado como a deleção de porções de DbpA afetava o fenótipo da bactéria no frio, e a segunda determinou a taxa expressão de genes selecionados em baixa temperatura. Para o estudo de DbpA, foram criadas 3 linhagens mutantes, nas quais o gene *dbpA* havia sido previamente deletado, contendo fragmentos da proteína com tamanhos diferentes – a proteína completa, DbpA sem a cauda C-terminal e DbpA sem a cauda C-terminal e o domínio DbpA. Seu crescimento foi comparado a 15°C e observou-se que nenhuma das linhagens teve seu crescimento afetado pelos truncamentos. A investigação da expressão gênica da bactéria, por sua vez, foi feita através de experimentos de qRT-PCR comparando a taxa de expressão de genes selecionados a 30°C e a 15°C. Observou-se a indução de genes de diversas categorias funcionais e um deles – *kdpA*, codificador de uma subunidade de um complexo transportador de K⁺ - foi selecionado para o estudo de seu papel no estresse e da possível conexão entre a regulação osmótica e a resposta a baixa temperatura. O gene foi deletado por dupla recombinação homóloga e o crescimento e a viabilidade da linhagem mutante foram comparados com selvagem em condições de estresse frio e de congelamento, entretanto o fenótipo da mutante não foi afetado pela deleção. Ainda assim, a alta indução do gene indica uma importância para a resposta ao frio e esta será investigada em estudos futuros.

Palavras-chave: *Caulobacter crescentus*, estresse frio, DbpA, KdpA.

Investigação da distribuição de fluxos metabólicos da bactéria *Burkholderia sacchari* para maior eficiência na produção de 4-hidroxiacetato (4HA)

MORIYA, Alexander K. T.; SILVA, Luiziana F.; MACEDO, Matheus A.

O acúmulo de plásticos convencionais já é um problema ambiental mundial bem discutido. Uma medida amenizadora é a implementação de Polihidroxialcanoatos (PHA), polímeros termoplásticos biodegradáveis, como substitutos de plásticos com origem petroquímica. Os PHAs podem ser produzidos por diversas bactérias e variar de tipo de acordo com sua composição monomérica. O copolímero Poli(3-hidroxiacetato-co-4-hidroxiacetato) (P(3HB-co-4HB)) apresenta propriedades mecânicas de interesse, é biodegradável e biocompatível. A síntese do monômero 4-Hidroxiacetato (4HA) em *Burkholderia sacchari*, uma bactéria apontada como uma flexível plataforma biotecnológica para produção de PHAs, depende do fornecimento de gama-butirolactona (GBL) e ácido 4-hidroxiacético (GHB). Esses compostos são tóxicos e referenciados popularmente como “ecstasy líquido” e “Boa Noite Cinderela” o que pode dificultar a sua produção em escala industrial. Na literatura, *Escherichia coli* foi capaz de produzir 4HA com glicose como única fonte de carbono ao receber os genes *sucD*, *4hbD* e *orfZ* da via de degradação de succinato de *Clostridium kluyveri*. O presente estudo *in silico* está associado a um projeto que pretende construir uma *B. Sacchari* com a mesma capacidade e tem dois objetivos: buscar genes de *C. kluyveri* e demais de interesse no genoma de *B. Sacchari* e propor uma *B. Sacchari* recombinante hipotética; construir os modos elementares da via hipotética, verificar os caminhos e fluxos metabólicos mais eficientes, e potenciais alvos de intervenção. A análise de genes foi efetuada com o Uniprot, a plataforma RAST e BLASTp. A análise de modos elementares foi efetuada com o programa metatool. A partir dessas análises, foi possível propor quatro possíveis alvos de intervenção para aumentar a eficiência da produção de P(3HB-co-4HB) em uma *Burkholderia sacchari* recombinante hipotética (com os genes *sucD* e *4hbD* de *Clostridium kluyveri*). A deleção ou silenciamento da Via do Glioxilato; a interrupção do Ciclo de Krebs; A deleção ou silenciamento da enzima responsável pela reação 6-Fosfogluconato -> Ribulose-5-fosfato, na Via das Pentoses e a deleção ou silenciamento das anotações do gene *gabD* ou *sad*.

Palavras-chaves: BLAST, *Burkholderia sacchari*, 4-Hidroxiacetato (4HA), Modos Elementares, Plásticos, Polihidroxialcanoatos (PHA).

Investigação molecular e funcional da expressão de ANKHD1 em linhagens celulares de câncer de mama

ALMEIDA, Bruna O.; MACHADO-NETO, João A.

O câncer de mama, apesar de possuir prognóstico relativamente favorável quando identificado em estágio inicial, é a principal causa de morte por câncer entre as mulheres, segundo estimativas de 2020. Assim, evidencia-se a relevância da identificação de novos marcadores moleculares e vias de sinalização que sejam úteis para o manejo clínico e tratamento de pacientes com essa doença. Nesse sentido, a proteína *Ankyrin repeat and KH domain-containing 1*, ANKHD1, tem sido identificada como reguladora de vias de sinalização e processos celulares de relevância na oncologia, contribuindo para a proliferação, migração e invasão de células neoplásicas. Visando compreender o papel de ANKHD1 no câncer de mama, objetivamos caracterizar a expressão de ANKHD1 e de proteínas a ela relacionadas e investigar a sua contribuição para a viabilidade celular, clonogenicidade, migração, morte celular por apoptose e expressão de genes codificadores para proteínas a ela relacionadas, em linhagens celulares de câncer de mama, assim como investigar a relevância clínica de *ANKHD1* nesse contexto. Para tanto, utilizamos linhagens celulares neoplásicas de mama bem estabelecidas, realizamos técnicas de *Western blotting*, RT-qPCR, análises de imunocitoquímica, inibição por transfecção com siRNA, ensaios de proliferação, migração e apoptose, e análises de sobrevivência *in silico*. A partir da caracterização gênica e proteica, identificamos que a ANKHD1 é expressa em linhagens tumorais e não tumorais de mama, apresentando localização celular diferente entre os subtipos dessa neoplasia. A partir da transfecção com siRNA, demonstramos que a inibição de ANKHD1 reduz a viabilidade, clonogenicidade e migração da linhagem de câncer de mama triplo-negativa. Corroborando esses achados *in vitro*, resultados *in silico* indicaram que, em pacientes com câncer de mama triplo-negativo *Basal-like 2* e *Mesenchymal-like*, alta expressão de *ANKHD1* associa-se a menor sobrevida livre de doença. Nossos resultados indicam que as implicações de ANKHD1 no câncer de mama variam entre os subtipos dessa neoplasia, sugerindo a importância de ANKHD1 para o fenótipo neoplásico do subtipo triplo-negativo.

Palavras-chave: ANKHD1; câncer de mama; triplo-negativo.

O papel de vesículas extracelulares de células tumorais de mama influenciando células endoteliais derivadas de microcirculação do cérebro

YANO, Rafael S.; FREITAS, Vanessa M.

Em 2018 foram registradas cerca de 9 milhões de mortes relacionadas ao câncer, e foram diagnosticados cerca de 18 milhões de novos casos. O câncer é conhecido como um processo de várias etapas, a qual a última etapa da progressão tumoral consiste na metástase, a disseminação do tumor de um sítio primário para um órgão distinto. Essa progressão é auxiliada por meio da formação de ambientes localizados denominados nichos pré-metastáticos, estes que tem como função, preparar e facilitar a sobrevivência de depósitos metastáticos. Como um dos mediadores desse processo, temos as vesículas extracelulares, estruturas compostas de uma bicamada lipídica contendo proteínas de transmembrana, proteínas citosólicas e RNA. No ambiente tumoral, eles possuem diversas funções, como reparo de tecido danificado, inflamação, apoptose, angiogênese. Tendo um papel significativo no sucesso da progressão tumoral. Podendo deste modo, considerar essas vesículas como uma forma de comunicação direta entre o tumor e seu microambiente, influenciando no comportamento das células devido a transferência horizontal de material. Em vista disso, neste projeto, analisamos a influência das vesículas extracelulares liberadas por células tumorais de mama sobre células endoteliais da microcirculação cerebral (HMBREC). Foi realizado um ensaio de adesão de células tumorais de mama (MDA-MB-231) e sua variante com tropismo para o cérebro à células endoteliais de cordão umbilical (HUVEC) e HBMREC quando tratadas com vesículas extracelulares. Além disso, fizemos uma análise de bioinformática *in-silico* de um estudo que verificou a modulação de vesículas derivadas de células tumorais em células endoteliais. A partir dos dados, tivemos indícios de uma modulação do microambiente pró-adesividade tumoral, além da verificação de diversas alterações de expressão gênica que indicam um fenótipo favorável ao estabelecimento de tumor.

Palavras chave: Câncer de mama; Microambiente; Vesículas extracelulares.

Produção de 3-hidroxi-butirato em linhagens de *E. coli*

BIAGI, Bruna L.; GOMEZ, José G. C.

Os polihidroxiacanoatos (PHA) são acumulados em forma de grânulos intracelulares pelas bactérias quando há limitação de nutrientes essenciais. O PHA mais comum produzido por bactérias é o PHB. A bactéria *Escherichia coli* não é uma produtora de PHB, há a necessidade da construção de plasmídeos recombinantes para isso com genes que sintetizam as enzimas necessárias para essa produção. A tioesterase nativa de *E. coli* possibilita a síntese de 3HB e essa bactéria é amplamente utilizada devido ao seu crescimento rápido. A maior parte desse 3HB é excretada em vez de acumulada em grânulos intracelulares. Os objetivos deste trabalho são: analisar a produção de 3HB, compará-la entre as linhagens estudadas (pBBR5K::phaAB+tesB, pBBR5k::rfp, pBBR8K::phaAB+tesB) e também comparar o crescimento pela massa seca celular em mg/L. Cultivou-se o pré-inóculo e depois, parte desse pré-inóculo foi passada para frascos contendo meio mineral acrescido de glicose (15g/L) e pobre em nitrogênio. Os indutores utilizados foram IPTG para pBBR5K::rfp e pBBR5K::phaAB+tesB e l-arabinose para pBBR8K::phaAB+tesB. O inóculo foi levado em agitador rotativo e amostras foram retiradas em duplicatas nos tempos de 0, 24 e 48h respectivamente. As amostras após serem retiradas foram centrifugadas e o sobrenadante de 24 e 48h foi guardado e congelado. Para analisar a massa seca, fez-se a liofilização e pesagem do precipitado. Para analisar a produção de 3HB, as amostras passaram por processo de propanólise para volatilização e foram levadas ao cromatógrafo gasoso. O tempo de retenção foi medido para calcular a produção. As linhagens pBBR5K::phAAB+tesB e pBBR8K::phAAB+tesB apresentaram baixa produção intracelular de 3HB, mostrando que a maior parte do 3HB é excretada. Já de 3HB extracelular, ambas apresentaram maior produção, mas pBBR5K::phAAB+tesB foi maior. O maior crescimento foi de pBBR8K::phAAB+tesB. Deve-se medir o pH e medir a dosagem de açúcares por HPLC para melhor compreensão dos resultados.

Palavras-chave: 3-hidroxi-butirato, *Escherichia coli*, monômero, plasmídeo.

Seleção de isolados bacterianos produtores de Polihidroxicanoatos (PHAs) a partir de carboidratos presentes em melão de soja e casca de Eucalyptus sp.

NAUFAL, João V.; GOMEZ, José G.C

O uso dos plásticos derivados do petróleo em grande quantidade no comércio e indústria, apesar de prático e comparativamente mais barato, traz consequências ambientais decorrentes do acúmulo de lixo plástico no meio ambiente. Por outro lado, polihidroxicanoatos (PHAs) são polímeros biodegradáveis com propriedades termoplásticas produzidos por procariontes, tendo potencial para substituir os plásticos convencionais. Além de sua biodegradabilidade, os PHAs podem ser produzidos a partir carboidratos presentes em co-produtos agroindustriais, como melão de soja e cascas de eucalipto, o que diminui seus custos de produção e torna esse produto ainda mais sustentável. Nesse projeto, foram selecionados isolados bacterianos capazes de produzir PHAs a partir desses dois co-produtos, que são amplamente produzidos pela agricultura brasileira. Foi realizada a busca por isolados de duas coleções de culturas bacterianas, totalizando 1555 isolados testados. Para isso foram feitas estrias em meio mineral sólido contendo solução de melão de soja ou extrato de eucalipto como fonte de carbono. Após o crescimento por 24h a 30°C, foi realizada a coloração com Sudan Black B, que revela potenciais produtoras de polihidroxicanoatos. Foram selecionados no teste Sudan Black B 138 isolados possivelmente capazes de produzirem PHAs a partir dessas fontes de carbono. Cada isolado selecionado foi preservado em ultrafreezer. A partir desses 138 isolados foram feitos alguns testes ainda qualitativos em Shaker contendo Meio Mineral líquido, contendo rafinose como fonte de carbono. Os isolados 39B, CD 144B e SCU 074 apresentaram melhores resultados para consumo de Rafinose e Sacarose para produção de PHAs. A partir desses 138 isolados selecionados qualitativamente podem prosseguir testes de seleção de isolados, trabalhos de engenharia molecular voltados para consumo de rafinose e estaquiase, além da sacarose presentes no melão e no extrato e finalmente ensaios quantitativos em biorreator capazes de indicar uma linhagem destinada à produção industrial de PHAs a partir de melão de soja e extrato de cascas de eucalipto.

Palavras-chave: Polihidroxicanoatos; Melão de Soja; Cascas de Eucalipto; Bioprodutos.

*Instituto de
Matemática e
Estatística (IME-USP)*

Análise do Espaço Neutral Fenotípico para a Rede Booleana do ciclo Celular da Levedura (*Saccharomyces cerevisiae*)

PIEDADE, Gabriel P. S.; HASHIMOTO, Ronaldo F.

A interação entre DNA, RNA e proteínas gera uma rede de regulação gênica que é responsável por diversas funções vitais para a sobrevivência da célula. Com o objetivo de compreender essas redes muitos estudos têm utilizado o modelo booleano, que tem permitido análises sobre a dinâmica das interações gênicas e sobre a funcionalidade das redes, sendo a principal rede estudada a rede de regulação gênica do ciclo celular da levedura (*Saccharomyces cerevisiae*) que é chamada de rede “selvagem” (*wildtype*). De acordo com o modelo booleano nós podemos representar a rede de interação de genes por uma matriz de adjacência A , na qual cada posição compõe a interação entre dois genes e podemos representar cada momento t do ciclo celular por um vetor de estado $S(t)$ que é composto pela condição de cada gene naquele dado momento, com isso podemos gerar a série temporal do ciclo celular utilizando o $S(t + 1)$ como o produto da matriz A por $S(t)$. Nosso trabalho se focou em construir algoritmos com o propósito de recuperar alguns resultados de trabalhos anteriores como por exemplo: o diagrama de transição dos vetores de estado gerado pela rede *wildtype*, a construção das redes funcionais (ou seja, aquelas que são capazes de gerar o ciclo celular) e os cálculos para a entropia e a convergência da rede. Após a conclusão dessa primeira etapa com sucesso, nós realizamos a amostragem de redes de interação que possuem uma diferença entre si, que representa uma mutação para a rede *wildtype*. Nós encontramos uma correlação negativa entre a convergência e a entropia para as redes analisadas, além disso conseguimos gerar uma imagem representando as conexões entre as redes estudadas juntamente com as distâncias em similaridade entre as redes

Palavras-chave: Biologia de Sistemas, Ciclo Celular, Redes Booleanas, *Saccharomyces cerevisiae*.

*Instituto de Medicina
Tropical de São Paulo
(IMT-USP)*

Genotipagem por análise de microssatélites de isolados de *Candida parapsilosis* (*sensu stricto*) obtidos de casos de candidíase invasiva
CARVALHO, Gabrielle O. M. H.; THOMAZ, Danilo Y.

O gênero *Candida* é responsável por mais de 80% dos casos de infecções hospitalares de origem fúngica. *Candida parapsilosis* tem sido a mais prevalente em unidades de cuidados intensivos neonatais. Tal característica está relacionada a formação de biofilme e colonização de dispositivos médicos e mãos de profissionais da saúde por esta levedura, favorecendo a transmissão horizontal e a ocorrência de surtos nosocomiais. Assim, investigações sobre a epidemiologia molecular de *C. parapsilosis* (*sensu stricto*) têm sido realizadas e diversos estudos já evidenciaram similaridade genética entre os isolados clínicos e os isolados das mãos desses profissionais. Foram genotipados por análise de microssatélites 162 isolados de *C. parapsilosis* (*sensu stricto*) obtidos de casos de candidíase invasiva do Instituto do Câncer do Estado de São Paulo em 2019, sendo isolados clínicos, ambientais e das mãos de profissionais de saúde de duas unidades de cuidados intensivos (UCIs). A taxa de resistência entre os isolados de hemocultura foi de 90% e um único genótipo resistente ao fluconazol (R-FLC) foi responsável por 81,4% dos casos de candidemia por *C. parapsilosis*. Isolados obtidos das superfícies hospitalares e das mãos dos profissionais de saúde também apresentaram esse genótipo, evidenciando esses sítios como importantes reservatórios e via de transmissão desta levedura em condições hospitalares. Um teste de suscetibilidade mais aprofundado (CLSI) demonstrou que todos os isolados estudados eram sensíveis à anfotericina B e às equinocandinas testadas, entretanto, a resistência cruzada entre fluconazol e voriconazol foi observada em 92,1% dos isolados R-FLC. Além disso, através do sequenciamento do ERG11, outros 92,1% dos isolados R-FLC, incluindo os provenientes das mãos dos profissionais de saúde e das superfícies hospitalares, apresentaram a mutação Y132F em Erg11p, reconhecida como um dos principais mecanismos de resistência aos azóis em *C. parapsilosis*. Preocupantemente, isolados R-FLC foram associados com maior taxa de mortalidade bruta (63,8%) do que aqueles não resistentes (20%, P=0,008). Ainda que *C. parapsilosis* seja um patógeno em evidência nas UCI neonatais, nossos resultados reforçam a necessidade de vigilância epidemiológica e monitoramento do perfil de suscetibilidade aos antifúngicos desta levedura também nas UCI oncológicas adultas.

Palavras-chave: *Candida parapsilosis*; ERG11; fluconazol; microssatélites; surto.

*Instituto Oceanográfico
(IO - USP)*

Ascídias do Grande Sistema Recifal Amazônico

MATSUI, Júlia L.; LOTUFO, Tito M. C.

As ascídias são animais filtradores, sésseis em sua fase adulta e que podem ser encontradas em diversas profundidades. Entre os principais ambientes de incrustação encontram-se os recifes de corais e de rodólitos, como é o caso do Grande Sistema Recifal Amazônico. Corredor ecológico entre o Mar do Caribe e o Atlântico Sul, o banco de rodólitos chega a cerca de 300m de profundidade e abriga uma fauna pouco estudada. As condições oceanográficas nesse ambiente são amplamente influenciadas pelo deságue do rio Amazonas, cujo aporte de sedimentos em grande escala altera concentrações de oxigênio, luminosidade, pH e salinidade locais que influenciam na distribuição dos organismos. A região é ameaçada por práticas econômicas insustentáveis, como exploração de petróleo e gás, e apresenta escassez de estudos faunísticos e taxonômicos sobre esse grupo em comparação com a região Sudeste, o que justifica a urgência de estudos na região. O conhecimento sobre a ecologia, distribuição e diversidade das ascídias configura-se como essencial para o desenvolvimento de projetos de conservação e monitoramento. Neste sentido, espera-se ampliar o inventário de tunicados do litoral norte equatorial, melhorando a compreensão da distribuição do grupo no Atlântico Tropical Americano, e oferecendo dados que possam subsidiar ações e projetos de conservação deste ecossistema. As amostras serão analisadas seguindo procedimentos usuais de análise morfológica e molecular. As ascídias coletadas foram fixadas em álcool, fotografadas e medidas em diâmetro e espessura. Na presença de espículas, as colônias foram seccionadas e os fragmentos foram queimados a fim de separar o conteúdo inorgânico. Utilizou-se também o EDTA e solução de hematoxilina para observação mais detalhada dos zoóides. As características encontradas nas amostras após os procedimentos foram comparadas com a bibliografia e as amostras foram classificadas 80% até nível de família, 76% até gênero e 22% em nível de espécie. Todas as amostras continham ascídias coloniais, majoritariamente da família Didemnidae. Os principais gêneros encontrados foram didemnum, eudistoma, aplidium e distaplia. Para a conclusão do trabalho, espera-se dar procedimento à análise molecular das amostras e de identificação das espículas por microscopia eletrônica de varredura.

Palavras-chave: Amazonas; taxonomia; invertebrados; ascídias.

Influência da morfodinâmica e urbanização na abundância e diversidade macrobentônica do supralitoral de praias arenosas

MONTE, Gabriel Y.; TURRA, Alexander; LAURINO, Ivan R. A.

O litoral é responsável pelo fornecimento de diversos serviços ecossistêmicos como alimento, proteção da linha de costa, turismo e lazer. No entanto, o ecossistema praiial é frequentemente negligenciado em termos de conservação, não somente pela comunidade científica, mas também pela gestão política e pela população. Com o intuito de entender melhor a zona supralitoral destes ecossistemas, o presente estudo avaliou três praias com morfodinâmicas distintas (Praia da Baleia, Praia do Guaecá e Praia da Barra do Una), localizadas no litoral norte do estado de São Paulo, sudeste do Brasil. Tais praias possuem setores urbanizados e conservados, nos quais foram coletados organismos vivos na zona supralitoral. Os resultados apontam uma variação significativa de abundância entre os períodos de coleta na Praia da Baleia e Praia do Guaecá. A primeira apresentou um aumento de abundância de setembro de 2020 para março de 2021, enquanto a segunda apresentou uma queda de abundância nesse período. Variações também foram notadas entre setor urbanizado e conservado em Guaecá, sendo a abundância maior no setor conservado desta praia. Para a riqueza taxonômica, notamos variações entre os períodos de coleta em Guaecá, com redução da riqueza de setembro de 2020 para março de 2021. Com base nesses resultados, podemos afirmar que as interações entre as variáveis de coleta, setor e morfodinâmica e suas influências na fauna do supralitoral são extremamente complexas, possivelmente gerando padrões próprios através das interações singulares em cada uma das praias. Com base nisso, concluímos que a praia de Guaecá, de morfodinâmica intermediária e perfil praiial curto, se mostra a mais vulnerável às variações temporais e aos efeitos da urbanização. Ademais, estudos no litoral brasileiro, mais especificamente do supralitoral de praias arenosas, necessitam de mais atenção, permitindo um melhor entendimento do meio para tomada de decisões em políticas públicas e manejo das praias.

Palavras-chave: (construções, invertebrados, sazonalidade, supralitoral).

**Poluentes persistentes orgânicos no tecido hepático de albatroz-de-sobrancelha
(*Thalassarche melanophris*)**

MAEDA, Cinthia T.; MONTONE, Rosalinda C.

Poluentes persistentes orgânicos (POPs) são compostos semivoláteis, lipofílicos, hidrofóbicos, de difícil degradação, e tóxicos aos seres humanos e a outros animais. Em 2001, foi adotada a Convenção de Estocolmo, um tratado global que exige que os signatários restrinjam ou eliminem a produção e o uso de POPs. O albatroz-de-sobrancelha (*Thalassarche melanophris* Temminck, 1828) é uma das diversas espécies em que foram detectados POPs. Aves marinhas em estresse nutricional, ou que estejam enfrentando períodos que requerem alto gasto energético, mobilizam suas reservas lipídicas e, conseqüentemente, os POPs nelas acumulados são redistribuídos pelo organismo, podendo atingir órgãos de intensa atividade metabólica como o fígado. Assim, o objetivo deste trabalho foi analisar as concentrações de POPs no tecido hepático de *T. melanophris*. Foram coletadas amostras de 11 indivíduos, sendo 3 machos, 7 fêmeas e um indeterminado entre 2018 e 2020 nos litorais Sul e Sudeste do Brasil. As amostras foram submetidas à extração com solvente orgânico, etapas de purificação, e cromatografia a gás para a determinação das concentrações de poluentes. Todos os indivíduos apresentaram contaminação por POPs, com predominância de PCBs, Mirex, DDTs e HCB. As faixas de concentração, em massa úmida, variaram entre 0,32 e 641,54 ng.g⁻¹ para os PCBs, <0,40 e 287,48 ng.g⁻¹ para o Mirex, <0,40 e 245,82 ng.g⁻¹ para os DDTs e 1,52 e 41,48 ng.g⁻¹ para o HCB. Todas as amostras apresentaram um perfil similar de PCBs com predominância dos congêneres hexa, hepta e pentaclorados. Em relação aos DDTs, houve predominância de p,p'-DDE, que representou 98,95% do total detectado para este grupo. Devido à alta variação nos níveis de organoclorados entre os indivíduos coletados, que possivelmente ocorreu devido ao *n* amostral extremamente baixo, não foi possível detectar padrões claros de contaminação para indivíduos machos, fêmeas, juvenis ou adultos. A partir da análise de amostras de tecido hepático de *T. melanophris* coletados no Atlântico Sul, foi possível concluir que os poluentes persistentes orgânicos ainda são onipresentes, mesmo após quase duas décadas da implementação da Convenção de Estocolmo.

Palavras-chave: aves marinhas, bioacumulação, biomagnificação, PCBs, organoclorados.

*Instituto de Psicologia
(IP - USP)*

Influência do temperamento dos cães (*Canis Familiaris*) nas estratégias empregadas durante a tarefa solucionável e tarefa sem solução

OBATA, Eliane H.; FERREIRA-CHÂLINE, Ronara S.; SAVALLI, Carine;
RESENDE, Briseida D.; MENDES, Juliana W. W.

A longa relação entre os cães e os seres humanos favoreceu a comunicação interespecífica, em que os cães se comunicam principalmente via sinais visuais, com destaque para o olhar. Diversos fatores genéticos e/ou ambientais podem modular as suas habilidades comunicativas e cognitivas, e o temperamento é potencialmente um deles, porém pouco estudado. O temperamento pode ser dividido em duas dimensões, a ativação positiva e negativa, que refletem respectivamente na responsividade aos estímulos reforçadores e aversivos. Consequentemente, ele pode refletir nas estratégias empregadas em cada contexto. O nosso objetivo foi investigar de que modo o fator ‘temperamento’ dos cães influencia nos comportamentos exploratórios em uma tarefa cognitiva solucionável e nos comportamentos comunicativos e de persistência durante uma tarefa cognitiva sem solução (que representam respectivamente a estratégia social e independente de resolução de problemas). Hipotetizou-se que a tendência de apresentar tais comportamentos estivesse positivamente correlacionada com a ativação positiva e negativamente correlacionada com a ativação negativa. O temperamento foi avaliado através do questionário PANAS (*Positive and Negative Activation Scale*). As tarefas consistiram na tentativa do cão em obter o alimento disposto de forma acessível (solucionável) e inacessível (sem solução), eliciando a manifestação de suas habilidades comunicativas e cognitivas. Os resultados observados não sustentaram essas hipóteses, pois não houve correlações significativas para a maioria dos comportamentos, exceto para dois deles: quanto maior a ativação positiva (cães mais ativos e cheios de energia) menor a latência para tocar no recipiente na tarefa solucionável e menor a tendência de olhar a experimentadora na tarefa sem solução. Isso indica que esses cães têm um maior interesse inicial pelo aparato e/ou tarefa e, quando a tarefa se torna sem solução, possivelmente dividem o seu foco de interesse para os demais estímulos do ambiente ou podem optar por utilizar a estratégia independente de resolução de problemas ao invés da estratégia social. Sugere-se mais estudos para confirmar os achados dessa pesquisa, com uma seleção de sujeitos específica para esse objetivo e possivelmente uma análise integrativa do temperamento baseada nos perfis afetivos em vez das análises das dimensões separadamente.

Palavras-chave: Cognição animal. Comunicação. Exploração.
PANAS. Persistência. Resolução de problemas.

*Instituto de Química
(IQ - USP)*

Avaliação de componentes da parede celular de progênies contrastantes de cana-de-açúcar para produção de biomassa

VIEIRA, Jonathan C. C.; SOUZA, Glaucia M.; DINIZ, Augusto L.; GRANDIS, Adriana; SOLDI, Marina C. M. M.; PAGLIUSO, Débora

A produção de bioetanol é um processo biológico que atrai grande interesse e está em constante desenvolvimento. O bioetanol celulósico pode potencialmente permitir o uso de biomassa vegetal de cana-de-açúcar para a produção de combustível, a partir da hidrólise de seu bagaço. Uma vez que a cana-de-açúcar é um organismo poliploide proveniente de duas espécies ancestrais, cruzamentos entre diferentes genótipos de canas-de-açúcar estão sendo analisados com o propósito de aumentar a base genética para o desenvolvimento de híbridos comerciais modernos e a produtividade em diferentes progênies. Este trabalho tem como objetivo verificar a composição da parede celular de diferentes progênies contrastantes de cana de açúcar. O material usado neste estudo vem de testes de cruzamento realizados em Araras, São Paulo, visando o desenvolvimento de variedades cana com elevado potencial bioenergético. Primeiramente, foram realizados cruzamentos biparentais entre *S. officinarum*, *S. spontaneum* e *S. robustum*, além de cruzamentos com outras duas variedades comerciais -SP80- 3280 e RB867515. A partir desses cruzamentos foram selecionados 31 genótipos contrastantes para dados fenotípicos de produtividade, além de serem também analisados cinco genótipos parentais, duas variedades comerciais e duas variedades de cana energia. Todos os 40 genótipos foram avaliados após 8 e 12 meses do plantio. Foram analisados o conteúdo de lignina, o potencial de sacarificação, bem como os teores de açúcares solúveis, amido e composição da parede celular. Os resultados de 8 meses após o plantio não mostram diferenças significativas em relação aos dados obtidos para a parede celular. Como também os teores de lignina e a capacidade de sacarificação de plantas de 12 meses. Novas análises estão em andamento para observar se aos 12 meses a tendência permanece.

Palavras-chave: cana-de-açúcar; bioetanol; parede celular; biomassa; biotecnologia.

Geração de Células Knockout no gene ADPRHL2 por tecnologia CRISPR/Cas9

BERTOLINO, Murilo F.; HOCH, Nicolas C.

O DNA está sujeito a lesões provenientes das atividades metabólicas celulares e de fatores ambientais. Esses danos são corrigidos por vias metabólicas que utilizam a sinalização pós-traducional para identificar a lesão e repará-la. Exemplos dessas marcas químicas são as cadeias de poli (ADP-ribose), utilizada em uma das muitas vias de reparo ao DNA. Concluído o reparo, essas cadeias são retiradas pela proteína ADPRHL2, reestabelecendo a homeostase. Recentemente, mutações no gene ADPRHL2 foram associados a uma doença genética caracterizada por ataxia e epilepsia. O objetivo do trabalho é gerar uma linhagem de células humanas com o gene ADPRHL2 inativado por tecnologia CRISPR/Cas9. O projeto consiste na criação de um vetor de DNA com o sistema CRISPR/Cas9 acoplado, que codifica a tradução da proteína Cas9, responsável pelo knockout do gene, e um RNA-guia, responsável por guiar a proteína Cas9 ao gene ADPRHL2. Para isso, foi realizado o design do RNA-guia utilizando ferramentas bioinformáticas. Essa sequência foi clonada no plasmídeo através de técnicas de tecnologia de DNA recombinante, com enzimas de restrição, DNA ligase e multiplicação do plasmídeo em bactérias *E. coli* cultivadas em laboratório. Em seguida, foi realizada a transfecção desses plasmídeos para células RPE1-hTERT. Após a seleção das células que receberam os vetores, foi verificado o nível proteico de ADPRHL2 através de western blotting. A população com redução dos níveis de ADPRHL2 foi diluída para a formação de colônias individuais de células. Cada colônia foi expandida e testada por western blotting e a linhagem com ausência completa de ADPRHL2 foi escolhida para finalizar o projeto. Os plasmídeos foram criados e clonados com sucesso. Técnicas de purificação e digestão do plasmídeo com enzimas de restrição, aliadas ao sequenciamento de Sanger permitiram a confirmação da sequência do RNA-guia. As análises por western blotting indicaram a ausência de ADPRHL2 na linhagem celular transfectada, confirmando o sucesso da técnica. A técnica foi bem-sucedida, com uma eficiência de 23%. As linhagens com o gene ADPRHL2 inativado foram preservadas para que sejam feitas as devidas caracterizações no futuro.

Palavras-chave: ADPRHL2; ARH3; CRISPR/Cas9; Reparo genômico.

Estudo da sobrevivência de microrganismos em sais presentes em solo marciano

COSTA, Caio F. M.; RODRIGUES, Fabio; SCHIAVO, Ana P.; VINCENZI, Roberta

Marte é o segundo planeta mais bem estudado pela ciência, ficando atrás somente da Terra. A cada nova missão espacial, nosso conhecimento sobre o planeta vermelho aumenta de forma considerável. Por meio da missão Phoenix, 2008, descobrimos que a fase salina de seu solo é composta, majoritariamente, por sais que são relativamente incomuns no planeta Terra, dentre os quais são mais abundantes o sulfato de magnésio ($MgSO_4 \cdot 11H_2O$) e os percloratos, para este trabalho foi buscado dados sobre perclorato de magnésio ($Mg(ClO_4)_2 \cdot 6H_2O$). Esses sais são higroscópicos e possuem a capacidade de abaixar o ponto de fusão da água, tornando possível a existência dessa substância no estado líquido em Marte em temperaturas abaixo de $0^\circ C$. Assim, imaginamos que caso haja vida em Marte ou caso desejemos enviar organismos para o planeta, estes, muito provavelmente teriam que ser tolerantes a esses sais, que certamente estariam presentes em águas marcianas. Por conta disso, a atenção dos pesquisadores da área é voltada para microrganismos considerados extremófilos, que sobrevivem em elevadas concentrações de sais. Dito isso, essa pesquisa reuniu artigos científicos com dados de sobrevivência de microrganismos em sulfato e perclorato de magnésio e vimos que a produção de conhecimento com relação a esses microrganismos não parece ser muito extensa. Entretanto, com as informações extraídas dos artigos encontrados observamos uma maior representatividade de organismos resistentes a sulfato de magnésio ($MgSO_4$), e que esses são relatados por tolerarem elevadas concentrações desse sal, ao passo que os microrganismos resistentes a perclorato de magnésio ($Mg(ClO_4)_2$) são menos amostrados e mais sensíveis a esse sal. Foi investigada também a correlação entre cloreto de sódio ($NaCl$) e os sais de magnésio, e conforme evidenciado pelos elevados valores de p , não podemos afirmar, de acordo com dados encontrados na literatura, que a hipótese de correlação positiva do $NaCl$ com $MgSO_4$ e $Mg(ClO_4)_2$ seja verdadeira.

Palavras-chave: Marte; Microrganismos; Perclorato de magnésio; Sobrevivência; Sulfato de magnésio.

Estudo da aplicação de microrganismos psicrófilos em astrobiologia

ROSA, Mariana L. C.; SCHIAVO, Ana.; GAIÃO, Isabella.; VINCENZI, Roberta.; RODRIGUES, Fabio.

No contexto astrobiológico, o planeta Marte se destaca por possuir características favoráveis no que diz respeito à procura de vida fora da Terra. Nesse sentido, suas baixas temperaturas e a possibilidade de água líquida salina são classificadas como condições extremas nas quais, possivelmente, organismos extremófilos podem sobreviver. Além disso, sabe-se que certos mecanismos de sobrevivência de halófilos (espécies resistentes à salinidade) e psicrófilos (espécies resistentes ao frio) podem revelar correlação entre essas condições extremas. O trabalho tem por objetivo realizar levantamento bibliográfico de psicrófilos a fim de buscar relações entre sua resistência ao frio com sua tolerância a NaCl, unindo múltiplos estressores. A pesquisa foi realizada no site Microbiology Society selecionando artigos que contivessem as palavras “psychrophilic”, “psychrophile” ou “psychrotolerant” no título. Informações referentes à temperatura de crescimento e temperatura ótima foram extraídas, além da faixa de concentração de sal em que os organismos crescem. A hipótese então formulada seria de que existe uma correlação negativa entre a temperatura e a concentração de sal suportada pelos organismos. Contudo, gráficos de dispersão revelaram correlação positiva entre temperatura e salinidade, uma separação categórica também apontou para a mesma conclusão, refutando, portanto, a hipótese. Dessa forma, entende-se que a partir dos dados disponíveis não é possível inferir uma correlação negativa entre os parâmetros, entretanto, uma percepção importante foi de que os artigos não utilizam uma definição unificada para a separação de psicrófilos e psicrotolerantes, o que indica uma necessidade de padronização para melhor andamento de futuros trabalhos com o assunto.

Palavras-chave: Extremófilos; Halófilos; Marte; Psicrotolerantes.

*Museu de Arqueologia
e Etnologia
(MAE-USP)*

Origem e desenvolvimento da pesquisa de sequenciamento de DNA antigo em Hominínios de Neandertal e Denisova

LAURIA, Gabriel M.; STRAUSS, André M.

Arqueogenética, na acepção aplicável ao presente trabalho, é o estudo de DNA antigo, no qual são usados métodos de biologia molecular e de genética de populações. Esta disciplina tem seu nome formado pela junção do prefixo “árqueo-”, derivado da palavra grega “arkhaios” (que significa antigo, primitivo), com o substantivo “genética”, palavra derivada do termo grego “*genetikos*”, que originalmente significava “capaz de procriar”, mas que, na concepção hoje utilizada se refere ao estudo de herdabilidade em organismos. O termo arqueogenética foi originalmente concebido pelo arqueólogo Colin Renfrew (RENFREW & BOYLE, 2000). Este projeto propõe criar uma revisão bibliográfica sobre sequenciamento de DNA antigo com enfoque nas descobertas referentes aos dois principais grupos de hominínios de extinção recente (neandertais e denisovanos). Para tanto, o presente estudo pretende abordar os conhecimentos gerais necessários para estudar DNA antigo, bem como as técnicas de sequenciamento utilizadas na área e seu desenvolvimento e, também, a cronologia das principais descobertas relacionadas ao sequenciamento de DNA antigo. Ela não aborda métodos estatísticos, controles de amostra específicos ou classificações morfológicas. A revisão se inicia com estudos de mtDNA que eram extraídos de fósseis e sequências de poucos pares de bases que eram amplificadas para se saber se neandertais estavam dentro da variabilidade de humanos modernos. E termina com o último artigo abordado que apresenta um sequenciamento de DNA genômico de bilhões de pares de bases de um híbrido de denisovano e neandertal com uma ascendência denisovana que já apresentava DNA neandertal. A área de DNA antigo por ser tão abrangente como é e ter que superar diversos desafios técnicos e teóricos exige inventividade e amplificação do horizonte do estudo genético. A criatividade e a exploração dos conceitos da biologia molecular foram as principais ferramentas que tornaram capaz o avanço mostrado nessa revisão em poucas décadas de pesquisa. Além do progresso na ciência molecular, a pesquisa com hominínios arcaicos nos permite estudar nossa história evolutiva e populacional. Além de nos ajudar a definir o que nos difere como *Homo sapiens*.

Palavras-chave: Arqueogenética. Denisovanos. DNA antigo. Neandertais. Sequenciamento de DNA.

OUTRAS
UNIVERSIDADES E
INSTITUIÇÕES

Instituto Butantan

Investigação de variações morfológicas e geográficas em *Lonomia* spp. Walker, 1855 (Saturniidae, Hemileucinae) das regiões Sul e Sudeste do Brasil*

LEME, Heitor F.; FONSECA, Flávia V.; MORAES, Simeão S.

A subfamília Hemileucinae (Lepidoptera, Saturniidae) contém uma série de espécies tóxicas. Sobretudo, as fases larvais do gênero *Lonomia* apresentam importância médica devido à ocorrência de acidentes fatais. Exceto estudos relacionados à toxilogia deste grupo, ainda é escasso o conhecimento acerca de sua distribuição, taxonomia e sistemática, descrição e aspectos morfológicos e ecológicos, em especial para a fase adulta. Além disso, grande parte das descrições de novas espécies foram feitas apenas com base em dados moleculares. Essa atual escassez de conhecimento deve ser tratada com urgência, a fim de melhorar a gestão dos casos de acidentes. Nesse contexto, o estudo da morfologia externa das mariposas pode auxiliar a identificar espécies mais claramente. Neste estudo, procurou-se encontrar padrões macro e/ou microevolutivos no gênero *Lonomia* nas regiões Sul e Sudeste do Brasil, a fim de diminuir a lacuna no conhecimento acerca dos caracteres-chave úteis na diferenciação de populações e/ou táxons. A amostra foi composta por 80 indivíduos adultos de *Lonomia* spp. oriundos das regiões Sul e Sudeste do Brasil tombados na Coleção de Entomologia Médica do Instituto Butantan. O abdome de quarenta e cinco (45) machos foi removido para extração e estudo de caracteres da genitália. Machos e fêmeas tiveram as asas direitas clarificadas e fotografadas para marcação dos pontos anatômicos e realização das análises de morfometria geométrica para avaliar a variação da forma alar. Cinco (5) machos se mostraram desprovidos de cornuto, o que foi atribuído a artefato de preparação; trinta e oito (38) apresentavam um cornuto, de variação contínua de tamanho. Todos estes quarenta e três (43) indivíduos foram interpretados como *L. obliqua*. Dois (2) indivíduos apresentaram dois cornutos, e foram interpretados como uma segunda espécie, ainda indeterminada. As análises de variáveis canônicas indicaram a presença de diferentes populações de *L. obliqua* oriundas das diferentes unidades federativas. Contudo, novos estudos ainda devem ser realizados para que a tendência observada aqui possa ser avaliada mais a fundo. Investigações sobre pressões seletivas atuantes sobre as asas, bem como informações ambientais para os diferentes territórios fornecerão mais dados para dizer o que pode gerar as tendências de segregação observadas.

Palavras-chave: Acidente lonômico, entomologia médica, envenenamento, identificação de espécies, lagarta, taturana.

*Devido ao fato do(a) orientador(a) não ser docente USP, a Profa. Dra. Rosana Louro Ferreira Silva atuou como coordenadora.

Relação do desenvolvimento dos esporões pélvicos com a maturação sexual em jiboias (*Boa constrictor*, Linnaeus, 1758)*

Anzai, Rafael K.; Santos, Selma M. A.; LOBO, Luis M.

As serpentes são animais que sofreram reduções até perdas totais dos seus membros locomotores. Algumas espécies mantiveram renascentes da cintura e dos membros pélvicos, que podem ser vistos externamente na forma de esporões pélvicos, os quais podem ser utilizados na corte pelos machos. A espécie *Boa constrictor* é uma das espécies que possui essas estruturas vestigiais. Dada a importância do uso dos esporões na reprodução e sua provável relação com o sucesso da cópula, teve-se como objetivo investigar se há relação entre a maturidade sexual e o desenvolvimento dos esporões, também como analisar outros aspectos sobre a biologia reprodutiva e sobre a maturidade sexual da espécie. Para esse projeto, foram utilizados espécimes de cativeiro e de coleções zoológicas de ambos os sexos, os quais tiveram medidas biométricas coletadas (comprimento rostro-cloacal e do esporão). Os animais de coleção foram dissecados e fragmentos dos tecidos reprodutivos foram coletados, assim como a cintura e esporões pélvicos. Os materiais coletados foram processados e lâminas histológicas foram montadas. Por fim, foram realizados cálculos estatísticos. As análises estatísticas confirmaram que há dimorfismo sexual em tamanho, sendo as fêmeas maiores do que os machos, mas eles apresentam esporões maiores e mais curvados do que elas. Além disso, foi visto que possivelmente há uma correlação positiva entre o comprimento rostro-cloacal e os esporões, mas que pode haver outra variável agindo no desenvolvimento dos esporões, por exemplo uma variável hormonal. As lâminas histológicas da cintura pélvica confirmaram dimorfismo sexual na constituição tecidual dessa estrutura, sendo constituída por tecido ósseo nos machos e por cartilaginosa nas fêmeas. Por fim, as lâminas histológicas dos tecidos reprodutivos de machos e fêmeas indicaram que não havia nenhum exemplar sexualmente maduro. Conclui-se que são necessários mais estudos com animais sexualmente maduros para uma maior investigação sobre a relação do desenvolvimento dos esporões pélvicos com a maturidade sexual, assim como analisar qual a outra variável que pode estar atuando no desenvolvimento dos esporões.

Palavras-chave: esporão pélvico, jiboias, maturidade sexual, reprodução.

*Devido ao fato do(a) orientador(a) não ser docente USP, a Profa. Dra. Rosana Louro Ferreira Silva atuou como coordenadora.

*Instituto Israelita de
Ensino e Pesquisa
(IIEP) do Hospital
Israelita Albert
Einstein*

Regulação gênica de RIPK3 e seu impacto na sensibilidade à necroptose*

RAMELLA, Giulia M.; ZANETTI, Larissa C. WEINLICH, Ricardo

O termo necroptose designa um tipo de morte celular bioquimicamente controlada e com características morfológicas de necrose. Sua via molecular se dá, simplificadamente, por meio da quinase RIPK1 (*receptor-interacting serine-threonine kinase 1*) que recruta RIPK3 (*receptor-interacting serine-threonine kinase*) que, por sua vez, recruta e fosforila a pseudoquinase MLKL (*mixed-lineage kinase domain-like pseudokinase*), a qual migra para a membrana e causa sua desestabilização. Recentemente, uma via alternativa foi descrita dependente apenas de RIPK3, portanto independente de RIPK1, e geralmente ativada durante infecções virais, colocando RIPK3 como a molécula central da necroptose. Além disso, a expressão deste gene parece ser modulada em diversos processos fisiopatológicos tais como câncer, doenças neurodegenerativas, isquemia e inflamação. No entanto, muito pouco é conhecido a respeito da regulação gênica do RIPK3. Nesse sentido, o objetivo do projeto é a identificação da região promotora deste gene e a elucidação de como sua regulação influencia na sensibilidade à estímulos necroptóticos. Para tanto, foi realizada uma análise *in silico* para se prever a região putativa que contém o promotor do gene RIPK3 murino. A partir desta predição foram desenhados oligonucleotídeos para amplificação de regiões específicas do promotor predito. Na sequência, os *amplicons* foram clonados em plasmídeos contendo um gene repórter. O próximo passo será a transfecção desses construtos em células que respondem aos estímulos de indução de RIPK3 e a realização do ensaio de luciferase. Desta forma, será possível determinar experimentalmente qual é a região mínima responsiva do promotor de RIPK3. Uma vez encontrada esta região, investigaremos quais os fatores de transcrição e vias bioquímicas responsáveis por induzir a transcrição de RIPK3. O potencial impacto deste estudo está não somente relacionado ao entendimento de como esta molécula tão central na necroptose é regulada, mas também ao apontar possíveis vias bioquímicas moduladoras de RIPK3 como alvos de intervenção farmacológica durante processos associados à necroptose.

Palavras-chave: fisiopatologias; modulação gênica; necroptose; RIPK3.

*Devido ao fato do(a) orientador(a) não ser docente USP, a Profa. Dra. Merari de Fatima Ramires Ferrari atuou como coordenadora.

*Universidade Federal de
São Paulo (UNIFESP)*

Obtenção de células de glioblastoma humano NRF2 nocaute via CRISPR/cas9*

GUSSON, Gabriel L.; ROCHA, Clarissa R. R.

O temozolomida (TMZ) é o principal quimioterápico utilizado clinicamente no tratamento de glioblastomas multiformes e a eficácia deste medicamento está inteiramente relacionada à expressão de antioxidantes, dentre eles o fator de transcrição NRF2. O silenciamento de NRF2 comprovadamente aumenta a eficácia de TMZ, já que espécies reativas de oxigênio promovem maiores danos ao DNA genômico e mitocondrial (Rocha et. al, 2016). Embora existissem resultados utilizando o silenciamento de NRF2, o nocaute não tinha sido realizado anteriormente. O nocaute gênico tendo como alvo o NRF2 foi efetuado nesta pesquisa em questão, buscando validar as respostas celulares frente ao tratamento com TMZ. Para tanto, utilizamos a ferramenta CRISPR/cas9. A construção do plasmídeo contendo o promotor para a endonuclease Cas9 e o RNA-guia com a sequência de interesse foi realizada e confirmada pelo Sequenciamento Sanger. Posteriormente, foi efetuada a co-transfecção do vetor lentiviral pLentiCRISPRV2-sgNRF2 construído com plasmídeos auxiliares para a geração de lentivírus recombinantes. Estes, por sua vez, foram utilizados para transduzir as células de glioblastoma. Após realizar clonagens celulares, as células de glioblastoma transduzidas foram submetidas a citometria de fluxo e imunofluorescência para detecção de NRF2. Nessa primeira etapa, encontrou-se um possível candidato a nocaute, porém que apresentava característica de uma população mista, com células em que houve nocaute, e que em outras não. Tal candidato foi submetido a uma nova reclonagem e a novos experimentos de detecção e expressão de NRF2, Imunofluorescência e Western Blot, respectivamente. Nesses novos experimentos, pode-se averiguar que o candidato em questão também apresentava características de uma população mista, embora com maior frequência de células nocauteadas para o gene de NRF2. Uma nova reclonagem seria executada, no entanto, um congelamento preventivo foi necessário com a chegada da pandemia provocada pelo Sars-CoV-2, limitando e atrasando futuros experimentos. Embora a validação das respostas celulares frente ao tratamento com TMZ não pudesse ser realizada, a pesquisa trouxe excelentes resultados comprovando a eficácia da ferramenta CRISPR/Cas9 utilizando o plasmídeo pLentiCRISPRV2-sgNRF2 para o nocaute de células de glioblastoma, além da co-transfecção e transdução realizadas com sucesso. Experimentos futuros serão realizados na tentativa de obter uma linhagem nocaute para NRF2.

Palavras-chave: CRISPR/cas9, glioblastoma, nocaute, NRF2, terapia gênica.

***Devido ao fato do(a) orientador(a) não ser docente USP, a Profa. Dra. Merari de Fatima Ramires Ferrari atuou como coordenadora.**

Perda da diversidade de Squamata a longo prazo na região mais degradada da Amazônia*

BECKER, Ana P.; STURARO, Marcelo J.

A biodiversidade tem sofrido com a mudança do uso do solo, o desmatamento e, conseqüentemente, a perda e fragmentação de habitat. A Área de Endemismo Belém (AEB) - uma biorregião exclusivamente brasileira localizada entre o Rio Tocantins, Pará, e o rio Mearim, Maranhão - é hoje a área mais degradada da Amazônia, e já perdeu mais de 70% de floresta primária. Com a significativa perda de habitat, é de se esperar que toda a rede trófica tenha sido afetada, possivelmente causando a extinção local de espécies mais dependentes de habitats florestais. Neste trabalho, buscamos compreender o impacto da perda de floresta primária na persistência de répteis escamados (lagartos, serpentes e anfisbenas) por meio de estimadores de extinção. O grupo foi escolhido, pois estes animais possuem um papel chave nas cadeias tróficas, além de serem sensíveis a mudanças de temperatura, umidade e cobertura vegetal. A partir da literatura, levantamos 147 espécies que ocorrem na AEB, das quais 16 eram tipicamente florestais, endêmicas da Amazônia e não apresentavam registros desde 2000. Foi elaborada uma busca minuciosa para estas espécies em coleções biológicas, bancos de dados virtuais nacionais e internacionais, literatura, além de um extenso esforço amostral em campo totalizando mais de 117 mil horas de busca ativa e armadilhas de interceptação-e-queda (*pitfall*). Essa busca reduziu para oito (17,7% das espécies florestais) as espécies que não apresentavam nenhum registro desde 2000 na AEB. Estimamos a probabilidade de extinção destas espécies por meio do software R, utilizando o pacote “sExtinct” e o estimador de extinção Bayesiano e. No primeiro método, as espécies apresentaram alta probabilidade de estarem extintas, com as datas de extinção estimadas no período de 1980 a 2010. Para o segundo método, apenas duas espécies apresentaram alta probabilidade de estarem extintas atualmente. Os resultados destes estimadores não devem ser considerados de forma conclusiva, porém eles indicam uma situação muito preocupante de perda de biodiversidade na AEB e reforçam a urgência de conter a ameaça do desmatamento e conseqüente perda de habitat para garantir a conservação das espécies florestais de répteis escamados amazônicos.

Palavras-chave: arco do desmatamento, aspectos ecológicos, conservação, floresta tropical, herpetofauna

*Devido ao fato do(a) orientador(a) não ser docente USP, a Profa. Dra. Ana Lúcia Brandimarte atuou como coordenadora.