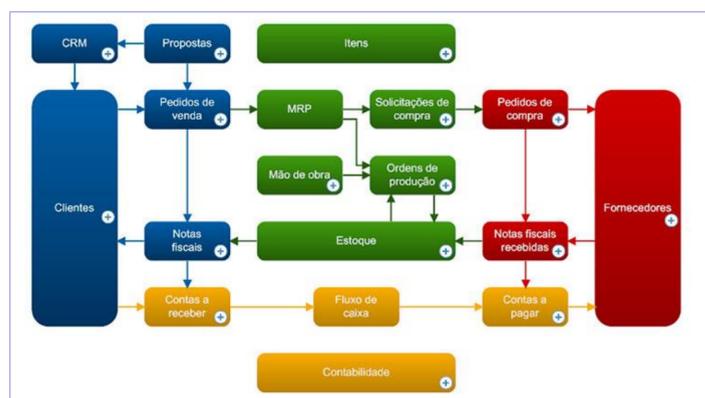


MATERIAL E MÉTODOS

Deve ser descrita a metodologia aplicada ao trabalho com dados acerca das amostras, os materiais utilizados (questionários, instrumentos de diagnósticos, etc) e os métodos utilizados. **Letra Calibri, texto justificado, tamanho 20.**



RESULTADOS E DISCUSSÃO

A seguir estão apresentados alguns resultados que foram obtidos em estudos específicos e eles aqui foram expressos em gráficos, mas também podem ser utilizadas tabelas e fotos **Letra Calibri, texto justificado, tamanho 20.**

A seguir estão apresentados alguns resultados que foram obtidos em estudos específicos e eles aqui foram expressos em gráficos, mas também podem ser utilizadas tabelas e fotos **Letra Calibri, texto justificado, tamanho 20.**

A seguir estão apresentados alguns resultados que foram obtidos em estudos específicos e eles aqui foram expressos em gráficos, mas também podem ser utilizadas tabelas e fotos **Letra Calibri, texto justificado, tamanho 20.**

Verifique o colchão adequado ao seu biotipo na tabela oficial do INER:

Peso (kg)	Altura (m)	Altura (m)					
		Até 1,50	1,51 a 1,60	1,61 a 1,70	1,71 a 1,80	1,81 a 1,90	Acima de 1,90
até 50		D23	D23*/20	D23/20*	D20		
51 a 60		D26	D26*/23	D26/23*	D23		
61 a 70		D28	D26/28*	D26/28*	D26/28*	D26	
71 a 80			D33	D28/33*	D28/33*	D28	
81 a 90				D33	D33*/28	D33*/28	D28
91 a 100				D40	D40/33*	D33	D33
101 a 120				D45	D40	D40	D40/33*
121 a 150					D45	D45/40*	D40

1) *Preferencialmente 2) Para casais: A) De acordo com o cônjuge que requeira maior densidade; B) Encomendar colchão composto (duas densidades). 3) D18 indicado para recém nascidos e crianças até 3 anos

A seguir estão apresentados alguns resultados que foram obtidos em estudos específicos.

CONCLUSÃO

Descrever as principais conclusões do trabalho. **Letra Calibri, texto justificado, tamanho 20.**

REFERÊNCIAS (Opcional)

Letra Calibri, texto justificado, tamanho 20 – em ABNT e somente as que aparecerem no texto do pôster, ou as mais relevantes.

AGRADECIMENTOS

Letra Calibri, texto justificado, tamanho 20 - Agradecimento ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

Análise filogenética e caracterização *in silico* de SNPs de variantes na região splicing do gene IL6 associadas a doenças autoimunes

Arthur Felipe Ferreira de Freitas¹; Maria de Mascena Diniz Maia²;

¹ UFRPE, Recife/PE, arthur.ffreitas@ufrpe.br; ² UFRPE, Recife/PE, maria.dmaia@ufrpe.br



MATERIAL E MÉTODOS

Os dados relativos ao gene IL6 foram obtidos a partir do banco de dados Ensembl. O transcrito IL6-201 foi selecionado devido à sua riqueza de informações depositadas no sistema. A partir disso, 20 polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs) foram escolhidos para avaliar seu impacto na proteína e sua relação com o desenvolvimento de doenças autoimunes.

Para analisar e prever o efeito desses polimorfismos na função e estrutura da proteína, foram utilizadas diversas ferramentas de bioinformática, incluindo PolyPhen-2, PROVEAN, SIFT, SNP&GO e PHD-SNP. Com os resultados obtidos, realizou-se uma revisão da literatura nas plataformas PubMed e Google Acadêmico para identificar estudos prévios que correlacionassem essas variantes com o desenvolvimento de doenças autoimunes.

Além disso, para compreender a relação evolutiva entre as sequências do gene IL6 em diferentes espécies de mamíferos eutérios, realizamos uma análise filogenética. Coletamos as sequências do gene IL6 de 20 espécies distintas utilizando a ferramenta BLAST no banco de dados NCBI. A partir dessas sequências, construímos uma árvore filogenética utilizando o programa MEGA X, aplicando o método de máxima verossimilhança e realizando o bootstrap com 1000 réplicas para assegurar a confiabilidade dos resultados.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Apenas 5 (rs1282201857, rs1583431936, rs1257406129, rs756681741, rs2069849) apresentaram resultados indicativos para a probabilidade de desenvolver doenças. Sendo a variante rs2069849 intimamente associada a um maior risco no desenvolvimento da osteoporose em mulheres asiáticas.

dbSNP rs	Aminoácido Subs	SNPs&GO	RI	PHD-SNP	RI
rs1282201857	G17V	Doença	8	Doença	3
rs1583431936	V21G	Doença	4	Doença	6
rs1257406129	G100R	Doença	6	Doença	1
rs756681741	L112V	Doença	5	Doença	3
rs2069849	F201L	Doença	4	Doença	4

Tabela 1. Predição do impacto dos SNPs

A filogenia apresentou uma estruturação com alto suporte estatístico e agrupamentos que representam grupos monofiléticos de mamíferos eutérios, sendo possível observar dois grandes grupos, um deles apresenta espécies da ordem Primata, enquanto o outro apresenta espécies de outras ordens pertencentes à classe Mammalia.

A filogenia molecular indica que o gene IL6 é sugestivo para identificação de grupos monofiléticos em 21 espécies de mamíferos eutérios.

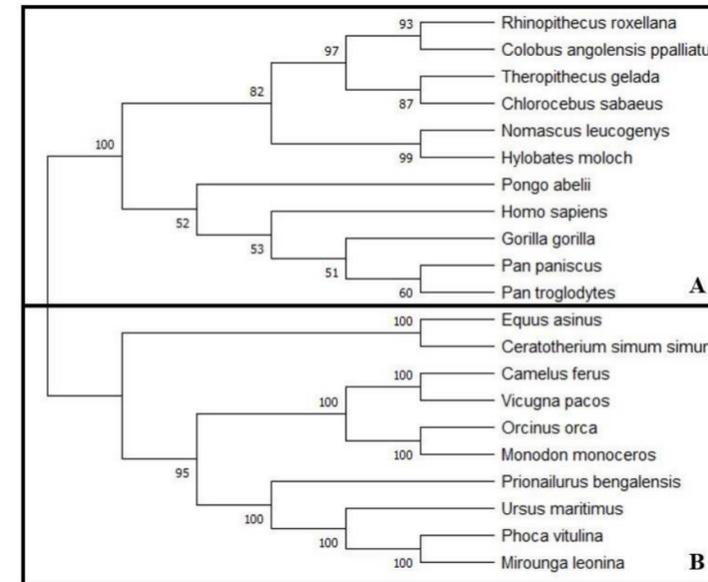


Figura 1. Árvore filogenética inferida a partir do conjunto de dados coletados em databank. Destacam-se dois grandes grupos monofiléticos, ordem primata (A) e outras ordens de mamíferos (B)

CONCLUSÃO

As ferramentas da bioinformática mostraram-se excelentes para analisar e adquirir conhecimento acerca do impacto de variantes genéticas no desenvolvimento de doenças humanas. A filogenia molecular do gene possibilitou a distinção de dois grandes grupos de mamíferos eutérios, sendo o primeiro da ordem dos primatas e o segundo composto por diversas ordens (Perissodactila, Artiodactila, Carnívora e Cetacea).

REFERÊNCIAS (Opcional)

FERREIRA, Michele Berger. et al. polimorfismo no gene da interleucina-6 e sua relação com suscetibilidade às doenças pulmonares em crianças e adolescentes. Revista Jovens Pesquisadores, Santa Cruz do Sul, v. 5, n. 1, maio 2015. p.2237-048. Disponível em: . Acesso em: 15 set. 2021.

FOSTER, Charles B., et al. An IL6 promoter polymorphism is associated with a lifetime risk of development of Kaposi sarcoma in men infected with human immunodeficiency vírus. Blood, v.96, n.7, p.2562-2567, out. 2000. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0006497120543693>. Acesso em: 05 out. 2021.

GERALDO, Marcos Tadeu. Evolução e organização genômica do gene FOXL2 em vertebrados. 2012. Acesso em: 23 jun. 2022.

AGRADECIMENTOS

Agradeço à minha orientadora por todo conhecimento e apoio prestado durante o período da pesquisa e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela concessão da bolsa.