

audição e a fala. Nós levantamos a hipótese de que esses genes podem ter um papel importante no desenvolvimento de línguas tonais. Essa análise pode nos auxiliar, futuramente, na investigação do papel da evolução em línguas humanas.

**1496**

**BIOIN4GIRLS: CICLO DE PALESTRAS EM BIOINFORMÁTICA**

CATEGORIA DO TRABALHO: PRÁTICAS INSTITUCIONAIS INOVADORAS

Ana Carolina de Moraes Mello, Ágnis Iohana de Souza Grefenhagen, Gerda Cristal Villalba Silva, Lariane Frâncio, Mariana Rodrigues Botton, Marina Hentschke Lopes, Martiela Vaz de Freitas, Paola Barcelos Carneiro, Ursula Matte, Mariana Recamonde-mendoza

HOSPITAL DE CLÍNICAS DE PORTO ALEGRE

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL

Apesar de ter sido fundada por Margaret Dayhoff, as mulheres estão em minoria na bioinformática. Diferenças impressionantes são observadas na taxa de gênero dos campos que dão origem à bioinformática, sendo a biologia mais balanceada em relação à ciência da computação. No Brasil, a maioria dos workshops e de eventos científicos traz apenas palestrantes homens. Mesmo quando mulheres são representadas, geralmente são a minoria. Motivadas por esses fatos, organizamos um evento online chamado BioIn4Girls com palestras sobre sete grandes tópicos da bioinformática, todas apresentadas por pesquisadoras. Além disso, o comitê de organização era formado apenas por mulheres. Buscamos promover diversidade étnica e de identidade de gênero entre as palestrantes e organizadoras. As palestras foram ministradas em português, e a audiência do evento compreendeu 1705 inscritos de 26 estados do Brasil e 18 países. Para o nosso conhecimento, o BioIn4Girls foi o primeiro simpósio de bioinformática no Brasil a ter exclusivamente mulheres como palestrantes, com uma ótima recepção, rendendo boas avaliações e elogios à iniciativa. O evento deu visibilidade a pesquisadoras brilhantes e suas contribuições para a bioinformática e, ao mesmo tempo, deu espaço para recém-chegadas. Futuramente, esperamos poder continuar promovendo igualdade de gênero na ciência e na bioinformática ao destacar mulheres como exemplos no campo da pesquisa.

**1707**

**NÚCLEO DE BIOINFORMÁTICA: UM HUB DE PESQUISA, INTERAÇÃO E APOIO EM BIOINFORMÁTICA NO HCPA**

CATEGORIA DO TRABALHO: PRÁTICAS INSTITUCIONAIS INOVADORAS

Mariana Recamonde-mendoza, Ursula Matte, Andreza Francisco Martins, Thayne Woycinck Kowalski, Ágnis Iohana de Souza Grefenhagen, Ana Carolina de Moraes Mello, Bernardo Trevizan, Gerda Cristal Villalba Silva, Felipe Colombelli, Laura Galant Speggorin, Luis Dias Ferreira Soares, Martiela Vaz de Freitas, Otávio Von Ameln Lovison, Pâmella Borges, Paola Barcelos Carneiro, Rafaela Ramalho Guerra, Renan Soares de Andrades

HOSPITAL DE CLÍNICAS DE PORTO ALEGRE

A análise de dados sempre esteve presente em pesquisas biomédicas, sendo um importante alicerce para novas descobertas científicas. Avanços tecnológicos recentes vêm transformando esta área do conhecimento ao fornecer uma grande riqueza de dados para serem analisados. A bioinformática tornou-se uma área de pesquisa fundamental para lidar com os desafios analíticos de dados complexos e volumosos, e viabilizar o pleno aproveitamento dos mesmos. Porém, as análises de bioinformática representam um gargalo em muitos projetos de pesquisa, visto que é um campo emergente, que impõe dificuldades em função de sua interdisciplinaridade, e o qual ainda carece de pesquisadores com conhecimentos especializados. Assim, o Núcleo de Bioinformática (NBioinfo) foi criado com o propósito de atuar como um ponto central (hub) de pesquisa, interação e apoio em Bioinformática e Biologia Computacional no HCPA, disseminando e desenvolvendo institucionalmente estas áreas do conhecimento. O NBioinfo é vinculado ao GPPG e integra atualmente quatro pesquisadoras com ampla expertise na área e alunos em diferentes níveis de formação, conectando-os a grupos de pesquisa do HCPA ou externos que necessitem da Bioinformática no seu fluxo de trabalho científico. Desde sua criação, em 2018, o NBioinfo vem prestando consultorias e desenvolvendo colaborações em projetos de pesquisa em cinco linhas principais: análise de dados ômicos, análise de variantes, biologia de sistemas, metagenômica e aprendizado de máquina em dados biológicos. Neste período, foram publicados 23 artigos científicos em periódicos internacionais, alguns já

resultantes de interações com diferentes grupos de pesquisa do HCPA. Restrições impostas pela pandemia da Covid-19 evidenciaram ainda mais a importância da bioinformática para a produção científica. O NBioinfo também objetiva contribuir com a formação de recursos humanos nestas áreas de pesquisa, promovendo cursos de capacitação e eventos científicos. Em 2020, foi organizado o evento online Bioin4Girls - Ciclo de Palestras em Bioinformática, visando valorizar a atuação feminina na área com uma programação 100% organizada e ministrada por mulheres. Sem dúvida, a bioinformática representa uma área de pesquisa estratégica para fomentar o avanço científico. Através de sua atuação, o NBioinfo visa prover o HCPA com competências na área, estimular sua inserção em projetos de pesquisa da instituição, oportunizar novas colaborações, e catalisar a produção científica de impacto.

1717

### **SIMILARIDADE GENÉTICA DE ISOLADOS DE ESCHERICHIA COLI DE PRODUÇÃO SUÍNA POR CHTYPER**

CATEGORIA DO TRABALHO: PESQUISA

Gabriela Simões de Oliveira, Silvia Adriana Mayer Lentz, Priscila Lamb Wink, Andreza Francisco Martins  
UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL

Devido ao crescente número de microrganismos resistentes a múltiplas drogas, a resistência antimicrobiana é uma ameaça a saúde pública e global. O uso indiscriminado de antimicrobianos durante a criação de animais para consumo, como na suinocultura, favorece este processo. Assim, o presente estudo se propõe a avaliar a disseminação de clones de *E. coli* mcr-1 positivos na cadeia da suinocultura através da técnica CHTyper. Foram utilizados quarenta e dois isolados de *E. coli* mcr-1 positivos de granjas localizadas no estado do Rio Grande do Sul - RS, sendo vinte e três suabes retais dos suínos e dezenove do ambiente produtivo. Foi realizada a reação em cadeia da polimerase (PCR) para os dois genes propostos pela técnica, o *fumC* e o *fimH*. Os produtos da PCR foram purificados para realização do sequenciamento Sanger através da plataforma AB 3500. As sequências foram avaliadas no Geneious Prime 2021.1.1 e submetidas ao banco de dados CHTyper (<https://cge.cbs.dtu.dk/services/chtyper/>). Sete amostras foram selecionadas para validação da técnica. A extração de DNA dessas amostras foi feita com o Wizard® Genomic DNA Purification Kit (Promega). O sequenciamento completo do genoma foi realizado através da plataforma de sequenciamento de nova geração (NGS) Illumina MiSeq V2 (2x 250, paired-end) e as bibliotecas genômicas a partir do Nextera XT DNA Sample Preparation Kit (Illumina). A qualidade do sequenciamento foi verificada in silico por FastQC. Os dados brutos foram montados usando SPAdes v3.9.0 e os contigs foram anotados com Prokka (PROKKA, Galaxy Version 1.13). As sequências também foram submetidas no banco de dados do CHTyper. Foram encontrados dezenove CHs diferentes, sendo cinco mais prevalentes. Em três lotes foi estabelecido o mesmo clone entre animais e o ambiente, ressaltando que há disseminação clonal de cepas que abrigam o gene *mcr-1* na cadeia da suinocultura, além da disseminação horizontal mediada por elementos móveis. A validação do CHTyper apresentou concordância dos resultados, evidenciando um elevado poder discriminatório e uma excelente técnica alternativa ao MLST (Multilocus Sequence Typing), sendo mais rápida e mais barata. O gene *mcr-1* confere resistência as polimixinas, utilizadas como última opção terapêutica na medicina humana, portanto é necessário rastrear e definir estratégias para reduzir esta disseminação, principalmente através da abordagem One Health, que busca elucidar questões que envolvem a saúde humana, animal e do ambiente.

1926

### **IDENTIFICAÇÃO DE GENES HUB NOS DIFERENTES TIPOS DE PARKINSONISMO ATÍPICO E SUAS INTERAÇÕES UTILIZANDO UMA ABORDAGEM DE BIOLOGIA DE SISTEMAS**

CATEGORIA DO TRABALHO: PESQUISA

Amanda Pasqualotto, Felipe Mateus Pellenz, Vinícius da Silva, Ida Vanessa Doederlein Schwartz, Marina Siebert

HOSPITAL DE CLÍNICAS DE PORTO ALEGRE

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL

Introdução: Parkinsonismo atípico (PA) é um conjunto de doenças que se apresentam com manifestações clínicas de uma síndrome parkinsoniana associada a outros sinais e sintomas distintos da doença de Parkinson. O PA é constituído por 4 doenças: paralisia supranuclear