



**COORDENAÇÃO DE APERFEIÇOAMENTO DE PESSOAL DE NÍVEL  
SUPERIOR**

**EDITAL CAPES nº 051/2013:**

**EDITAL BIOLOGIA COMPUTACIONAL**

**I. IDENTIFICAÇÃO DA PROPOSTA:**

**A) TÍTULO:**

**REDE DE PESQUISA EM GENÔMICA POPULACIONAL HUMANA**

**B) DADOS DAS INSTITUIÇÕES:**

**INSTITUIÇÃO LÍDER:**

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARÁ**

Cidade Universitária Prof. José da Silveira Netto, Av. Augusto Corrêa,  
01 CEP: 66.075-100 Belém-PA, Tel/FAX: (91) 32017843:  
akely@ufpa.br ou andrea.santos@pq.cnpq.br

**INSTITUIÇÕES PARTICIPANTES:**

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO NORTE**

Av. Nascimento de Castro, 2155 - Bairro: Ponta Negra  
CEP: 59056-450 - Natal / RN – Brazil  
Telefone: (84) 32152709. E-mail: sandro@neuro.ufrn.br

**UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DA AMAZÔNIA**

Rua João Pessoa, 147, Bairro: Centro  
CEP: 68700-260 – Capanema/PA  
Telefone: (91) 32152709. E-mail: ighamoy@gmail.com

**C) UNIDADES:**

- LABORATÓRIO DE GENÉTICA HUMANA E MÉDICA – INSTITUTO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS – UFPA
- LABORATÓRIO DE POLIMORFISMO DO DNA – INSTITUTO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS – UFPA
- NÚCLEO DE PESQUISAS EM ONCOLOGIA - UFPA
- LABORATÓRIO DE INTELIGÊNCIA COMPUTACIONAL – INSTITUTO DE TECNOLOGIA – UFPA
- CAMPUS DE CAPANEMA - UFPA
- INSTITUTO DO CÉREBRO - UFRN

**D) COORDENADOR-GERAL:**

**NOME:** Profa. Dra. Ândrea Kely Ribeiro-dos-Santos, PhD

**CPF:** 301.300.002-30

**CURRÍCULO LATTES:** <http://lattes.cnpq.br/3899534338451625>

**ENDEREÇO:** LABORATÓRIO DE GENÉTICA HUMANA E MÉDICA, UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARÁ. Av. Augusto Corrêa, 01 – Cidade Universitária Prof. José Silveira Netto, Guamá, Belém – PA.

**E-MAIL:** [akely@ufpa.br/andrea.santos@pq.cnpq.br](mailto:akely@ufpa.br/andrea.santos@pq.cnpq.br)

**TELEFONE:** (91) 32017843

**E) COORDENADORES DAS INSTITUIÇÕES CORRESPONSÁVEIS:**

**NOME:** Prof. Dr. Vivian Nogueira Silberg, PhD

**CPF:** 321.602.458-01

**CURRÍCULO LATTES:** <http://lattes.cnpq.br/6121935907512568>

**ENDEREÇO:** Universidade Federal do Rio Grande do Norte, Centro de Ciências da Saúde, Departamento de Análises Clínicas e Toxicológicas. Av. General Cordeiro de Faria s/n Petropolis Natal, RN - Brasil

**E-MAIL:** [viviansilbiger@hotmail.com](mailto:viviansilbiger@hotmail.com)

**TELEFONE:** (84) 3342-9824

**NOME:** Prof. Dr. Igor Guerreiro Hamoy, PhD  
**CPF:** 648.067.072-87  
**CURRÍCULO LATTES:** <http://lattes.cnpq.br/8911516573302586>  
**ENDEREÇO:** Universidade Federal Rural da Amazônia,  
Campus de Capanema – Faculdade de Biologia. Rua João Pessoa,  
147, Centro – Capanema/PA  
**E-MAIL:** ighamoy@gmail.com

## **F) DETALHAMENTO DO PROJETO**

### **RESUMO**

A utilização da biologia computacional (bioinformática) para a análise de dados biológicos é de suma importância para o sucesso dos projetos de pesquisa em genômica, independentemente do organismo investigado. Como um dos primeiros exemplos de sua aplicação no Brasil, pode-se citar o projeto de sequenciamento completo da bactéria *Xylella fastidiosa* (sequenciamento realizado empregando a metodologia de Sanger), que através da bioinformática possibilitou a criação de softwares para análise dos dados e integração entre os cerca de 200 pesquisadores de 34 centros de pesquisa brasileiros. Desde a conclusão deste projeto, novas tecnologias de sequenciamento surgiram possibilitando estudos mais completos de organismos, os mais diversos. Biologia Computacional de alta performance e, ao mesmo tempo, estável e consequentemente a verdadeira independência dos nossos grupos de pesquisa (quanto a recursos computacionais) para processamento de grande volume de dados. Este projeto apresenta um caráter, prioritariamente, multidisciplinar que tem como desafio mitigar as desigualdades intraregionais, principalmente em uma região como a Amazônia, formar recursos humanos com visão integrada das diferentes áreas e fortalecer áreas de investigação da fronteira do conhecimento. O desenvolvimento da presente REDE DE PESQUISA solidificará ainda mais a competência na área de Bioinformática, com o auxílio de grupos de pesquisadores que trabalham de forma translacional dentro do tema geral estabelecido aqui: Genômica Populacional Humana. Nossa maior

perspectiva ao final do projeto é que se tenha criado um grupo sólido de pesquisadores da área de bioinformática, com ênfase especial na análise do genoma humano, especialmente centrados na identificação de variações que podem ter relevância médica e antropológica.

## **I. JUSTIFICATIVA**

A utilização de bioinformática para a análise de dados biológicos é de suma importância para o sucesso dos projetos de pesquisa em genômica, independentemente do organismo investigado. Como um dos primeiros exemplos de sua aplicação no Brasil, pode-se citar o projeto de sequenciamento completo da bactéria *Xylella fastidiosa* (sequenciamento realizado empregando a metodologia de Sanger), que através da bioinformática possibilitou a criação de softwares para análise dos dados e integração entre os cerca de 200 pesquisadores de 34 centros de pesquisa brasileiros. Desde a conclusão deste projeto, novas tecnologias de sequenciamento surgiram possibilitando estudos mais completos de organismos, os mais diversos.

A partir de 2005 ocorreu a revolução dos métodos de sequenciamento de DNA, com o surgimento dos primeiros sequenciadores de nova geração como 454 FLX, SOLiD, Illumina e Ion Torrent, capazes de gerar volume ainda maior de dados. Todo este avanço tecnológico representou um ganho para estudos científicos, com a redução do tempo para aquisição dos dados e do custo do sequenciamento, além do aumento da capacidade de geração de dados genômicos estruturais e funcionais.

A enorme capacidade de gerar novos e importantes dados científicos trouxe consigo novos desafios, principalmente no que diz respeito à capacidade dos laboratórios de processar esta enorme quantidade de dados. Para permitir este processamento é necessário montar uma grande infraestrutura computacional, capaz de suportar todos os recursos de bioinformática, principalmente quando se trata de projetos relacionados ao sequenciamento genômico completo de organismos eucariotos, que pode chegar a casa de  $10^9$  pares de nucleotídeos sequenciados, por organismo.

O Programa de Pós Graduação em Genética e Biologia Molecular da UFPA (PPGBM), em parceria com outros programas de pós-graduação da mesma instituição, como o Programa de Oncologia e Ciências Médicas (PPOCM), o Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia (PPBIOTEC) e o Programa de Pós-Graduação em Engenharia Elétrica, desenvolvem pesquisas que tem como base a análise do genoma completo de organismos eucariotos e, principalmente, de micro-organismos. Dos nossos laboratórios já foram sequenciadas mais de 20 espécies de bactérias e o grupo de pesquisas do ICB onde as bactérias são sequenciadas, faz parte do grupo brasileiro que mais deposita genomas procariotos no NCBI em toda América Latina.

No que se refere a investigação de eucariotos, um dos nossos grupos de pesquisas teve aprovado, recentemente, um projeto pelo SISBIOTA/CNPq, com parcerias nacionais e internacionais para o estudo genômico completo de aves brasileiras (do papagaio, do beija-flor e do sabiá). No que se refere à investigação em populações humanas, nossos grupos de pesquisas realizaram o primeiro estudo mundial do mirnoma completo em tecido gástrico humano sadio (já publicado na revista Plos One - ver currículos dos pesquisadores) e em tecido com câncer gástrico (dois trabalhos submetidos à publicação). Mais ainda, esses grupos de pesquisas em humanos da UFPA, em parceria com outros grupos brasileiros (UFRN e USP), estão processando as análises relativas ao sequenciamento completo do genoma de um ameríndio e no momento estão organizando o sequenciamento de outros nove indivíduos pertencentes a populações tradicionais da Amazônia.

Em função do aumento da quantidade de informações genéticas geradas por estas novas plataformas de sequenciamento, faz-se necessário o uso de tecnologias de ponta que permitam realizar análises de biologia computacional complexas, capazes de retirar informações relevantes, do ponto de vista científico, de todo o material produzido em laboratório; desenvolver ferramentas de análises computacionais; realizar missões acadêmicas; formar recursos humanos para atuarem em uma área de fronteira como a biologia computacional, em uma região como a Amazônia que congrega uma das maiores biodiversidades inclusive de populações

tradicionais humanas (ameríndios, quilombolas, ribeirinhos e outros). É importante lembrar que a bioinformática ou biologia computacional foi considerada uma linha estratégica a ser desenvolvida no país, na penúltima reunião da CAPES para a área de Ciências Biológicas I, realizada no mês de novembro de 2011.

Nós temos a clareza de que todos esses projetos de grande porte (do ponto de vista da informação gerada), desenvolvidos pelo PPGBM, em colaboração com outros pesquisadores de outros programas só podem ser levados a termo, se possuímos, entre outros quesitos importantes: i) pessoal altamente qualificado na área de biologia computacional, genética, genômica, transcriptoma; ii) equipamentos de última geração, para o sequenciamento completo dos genomas; iii) capacidade computacional instalada, para o processamento, análise e armazenamento dos dados.

Do ponto de vista da qualificação do pessoal docente e da perspectiva de formação de recursos humanos (mestres e doutores), a capacidade do grupo de pesquisadores do PPGBM, que lidera este projeto, é inegável. De forma muito resumida, o que pode ser confirmado no Currículo Lattes dos pesquisadores, entre os quinze docentes que compõem o Núcleo Permanente do PPGBM, treze (86%) são bolsistas de produtividade do CNPQ. Usando outro critério de avaliação de docentes, comumente empregado pela CAPES, é possível confirmar que dentre esses docentes, pelo menos treze (86%), produziram artigos que somam mais de 800 pontos, (pela metodologia Qualis CAPES) no triênio entre 2010 e 2013. Mais ainda, do ponto de vista da formação de recursos humanos o PPGBM mantém atualmente, mais de 108 alunos de Mestrado e de 81 de Doutorado, muitos deles empregando metodologias de bioinformática.

Do ponto de vista dos equipamentos de última geração, importantes para o sequenciamento de genomas, é possível afirmar que temos todos os equipamentos necessários para produzir essas análises laboratoriais de grande porte. Um dos grupos de pesquisas do PPGBM adquiriu, por meio de diferentes projetos de pesquisa, uma plataforma de sequenciamento de nova geração (SOLID versão3 Plus - Sequencing by Oligo Ligation Detection). A plataforma foi, recentemente, aumentada pela compra de novos equipamentos ainda mais modernos, que incluem o sequenciador SOLiD

5500 e quatro ION Torrents, todos desenvolvidos pela Life Technologies. Neste tempo, o grupo em questão tem auxiliado outros grupos de pesquisa a realizar o sequenciamento de organismos de seus interesses, o que permitiu um acúmulo de dados invejáveis para as nossas análises, assim como para o aprendizado em biologia computacional.

Do ponto de vista da qualificação de recursos humanos para a área de bioinformática é importante historiar um pouco do esforço que o PPGBM tem realizado para capacitar pessoal, nesta área do conhecimento (ainda incipiente em todo o Brasil). No ano de 2008 nosso programa de pós-graduação lançou a primeira turma de Mestrado e Doutorado em Bioinformática, a fim de suprir as necessidades dos diferentes grupos de pesquisas da UFPA. Este movimento só foi possível por meio do financiamento de dois projetos aprovados pelo edital PROCAD-NF nos anos de 2007 e 2008.

Adicionalmente, para atender a demanda que a nova área de concentração exigia, o PPGM se associou com grupos de pesquisas de outras instituições brasileiras (em especial a Universidade Federal de Minas Gerais e a Universidade de São Paulo - Ribeirão Preto). Devido a maior experiência dos pesquisadores dessas instituições na área de bioinformática, professores eram convidados para ministrar aulas no curso e nossos alunos eram estimulados a estagiar naquelas instituições, no decorrer de seus cursos de Mestrado e Doutorado. E ainda mais, estimulamos o estágio nessas mesmas IES de alunos em nível de graduação, dos quais muitos atualmente são alunos de Mestrado formados ou em processo de formação.

Nós acreditamos que tivemos sucesso na **implementação** da Bioinformática com o trabalho desenvolvido, mas ainda necessitamos agregar e adensar mais conhecimento em áreas da **genômica populacional humana**. Atualmente, diversos alunos da primeira turma especial do Mestrado já concluíram seus cursos e vários destes estão realizando o Doutorado na área da bioinformática, em diferentes lugares do Brasil, inclusive na UFPA. Entre os alunos da primeira turma, dois deles agora doutores foram absorvidos (no ano de 2012) como docente do curso de graduação em bacharelado em biotecnologia oferecido pela UFPA.

No momento, nossos maiores gargalos, que tem truncado o pleno **desenvolvimento e adensamento** da área em questão são: i) capacidade computacional estrutural instalada, que é muito inferior a nossa capacidade de gerar novos dados laboratoriais; ii) desenvolvimento de softwares e ferramentas facilitadores das análises; iii) a formação de recursos humanos que apresentem uma visão integrada das distintas áreas das ciências biológicas e das ciências exatas e naturais.

Nós entendemos que somente ao construirmos uma estrutura integrada e translacional deste conhecimento é que será possível obter uma Biologia Computacional de alta performance e, ao mesmo tempo, estável e consequentemente a verdadeira independência dos nossos grupos de pesquisa (quanto a recursos computacionais) para processamento de grande volume de dados. Uma estrutura sólida de bioinformática (recursos humanos e equipamentos) tornará os grupos de pesquisa envolvidos, o PPGBM, o PPBIOTEC, PPOCM, PPGEE e a Universidade Federal do Rio Grande do Norte muito mais competitivos e eficientes, nas linhas de pesquisas já existentes e nas novas que podem ser criadas.

Este projeto apresenta um caráter, prioritariamente, multidisciplinar que tem como desafio mitigar as desigualdades intraregionais, principalmente em uma região como a Amazônia, formar recursos humanos com visão integrada das diferentes áreas e fortalecer áreas de investigação da fronteira do conhecimento.

O fortalecimento da Bioinformática está diretamente relacionado a construção de parcerias, assim como do intercâmbio do conhecimento entre a comunidade acadêmica nacional e internacional, realizado de forma interdisciplinar.

O desenvolvimento da presente REDE DE PESQUISA solidificará ainda mais a competência na área de Bioinformática, com o auxílio de grupos de pesquisadores (das áreas de Engenharia da Computação e da Genética e Biotecnologia da UFPA e da área de Bioinformática, Instituto do Cérebro da UFRN), que trabalham de forma translacional dentro do tema geral estabelecido aqui: **Genômica Populacional Humana**. Para tal propomos três equipes com seus subprojetos, cada um, desenvolvido por uma equipe interdisciplinar.



---

## **EQUIPE 1 – Genômica Populacional Humana**

### **Subprojeto 1. IDENTIFICAÇÃO DO VARIOMA A PARTIR DO SEQUENCIAMENTO DE LARGA ESCALA DE GENOMAS DE POPULAÇÕES TRADICIONAIS DA AMAZÔNIA.**

#### **Introdução**

O advento das tecnologias de sequenciamento de nova geração (NGS), como Solexa (Illumina) [1], 454 (Roche) [2] e SOLiD (Life Technologies) [3], entre outras, permitiram o acesso a vasta quantidade de informações contidas nos genomas de diversos organismos. Nos últimos anos, dois grandes projetos HapMap [4] e 1,000 Genome Project [5] e outras iniciativas pontuais [6-14] têm se dedicado a documentar a variabilidade genética presente no genoma humano de diferentes grupos étnicos e geográficos. Estas informações têm contribuído em estudos de associação, no controle de subestruturação populacional e na melhor compreensão da variabilidade genética individual e populacional.

A América foi o último continente a ser ocupado por distintos grupos humanos. O modelo mais aceito para a ocupação de populações tradicionais ameríndias está baseado em evidências antropológicas, arqueológicas e genéticas [15-22]. Este propõe que a rota migratória mais representativa de nativos americanos teria origem no leste da Ásia, entre 20 a 30 mil anos atrás (kya), e se expandido no continente Americano no sentido Norte-Sul [19]. Apesar do extenso número de publicações sobre a ocupação do continente americano [19,20,23,24], muitas questões ainda permanecem sem respostas. De igual forma, muito pouco se sabe sobre a diversidade genômica completa dos outros grupos populacionais tradicionais que habitam a Amazônia. Portanto, a variabilidade genética individual e/ou populacional, como a obtida através do sequenciamento de genoma completo (WGS), pode auxiliar na resolução de muitas destas questões.

Na literatura é possível identificar pelo menos 15 WGS totalmente anotados de indivíduos de populações dos continentes europeu [8], asiático [6,7,11,13-15], oceânico [12] e africano [9], mas nenhum representante nativo americano.

### **Objetivos**

Contribuir com a compreensão da variabilidade genética das populações tradicionais, por meio do sequenciamento completo do genoma de 12 indivíduos de populações tradicionais da Amazônia.

### **Objetivos Específicos**

- Identificar as mutações e/ou polimorfismos do tipo SNP (Single Nucleotide Polimorphism) e INDEL (Insertion/Deletion) ainda não descritos na literatura e base de dados;
- Comparar os resultados obtidos ao de outros representantes de diferentes regiões geográficas do mundo (projetos HapMAP e 1,000 Genomes).
- Identificar mutações que possam ter importância médica de forma a permitir validar essa informação em amostras mais amplas da população.

### **Metodologia**

Para o desenvolvimento do trabalho proposto, inicialmente será obtido a amostra de sangue de 10 indivíduos saudáveis de populações tradicionais da Amazônia. Todos os procedimentos seguirão as normas éticas estabelecidas pelo CONEP e as declarações de Helsink.

As amostras de DNA serão obtidas a partir de sangue periférico e em seguida preparado bibliotecas de fragmentos que serão aplicados na plataforma de sequenciamento da Life Biosystems SOLiD v.3 plus. O sequenciamento será feito de forma a obtermos uma cobertura de  $\pm 40$  vezes que serão alinhados ao genoma humano (3,1 Gpb). Esperamos cobrir a maior parte da extensão do genoma humano, com o menor erro por par de base sequenciado. O alinhamento servirá de base para chamada de

polimorfismos dos tipos SNP e INDEL e a identificação potencialmente de novos SNPs de qualidade.

A representatividade da amostra como membro de populações tradicionais sulameríndias será confirmada pela análise genômica das linhagens materna, paterna e autossômica. As análises autossômicas serão empregadas para distinguir as amostras investigadas de outras populações continentais.

### **Resultados Esperados**

Ao término do projeto, espera-se demonstrar a variabilidade genética ainda a ser descoberta em populações humanas e colaborar com a compreensão da variabilidade presente nas populações sulameríndias e quilombolas da amazôniacom, além do entendimento sobre prováveis mecanismos de adoecimento destas populações.

### **Bibliografia**

1. Bentley DR, Balasubramanian S, Swerdlow HP, Smith GP, Milton J, et al. (2008) Accurate whole human genome sequencing using reversible terminator chemistry. *Nature* 456: 53–59.
2. Margulies M, Egholm M, Altman WE, Attiya S, Bader JS, et al. (2005) Genome sequencing in microfabricated high-density picolitre reactors. *Nature* 437: 376–380. doi:10.1038/nature03959.
3. McKernan KJ, Peckham HE, Costa GL, McLaughlin SF, Fu Y, et al. (2009) Sequence and structural variation in a human genome uncovered by short-read, massively parallel ligation sequencing using two-base encoding.
4. Gibbs R, Belmont J, Hardenbol P, Willis T, Yu F (2003) The international HapMap project. *Nature*.
5. 1000 Genomes Project Consortium (2010) A map of human genome variation from population-scale sequencing. *Nature* 467: 1061–1073. doi:10.1038/nature09534.

6. Ahn SM, Kim TH, Lee S, Kim D, Ghang H, et al. (2009) The first Korean genome sequence and analysis: Full genome sequencing for a socio-ethnic group. *Genome Research* 19: 1622–1629.
7. Kim J-I, Ju YS, Park H, Kim S, Lee S, et al. (2009) A highly annotated whole-genome sequence of a Korean individual. *Nature*. doi:10.1038/nature08211.
8. Tong P, Prendergast JG, Lohan AJ, Farrington SM, Cronin S, et al. (2010) Sequencing and analysis of an Irish human genome. *Genome Biology* 11: R91.
9. Schuster SC, Miller W, Ratan A, Tomsho LP, Giardine B, et al. (2010) Complete Khoisan and Bantu genomes from southern Africa. *Nature* 463: 943–947.
10. Shapiro B, Hofreiter M (2010) Analysis of ancient human genomes. *BioEssays* 32: 388–391.
11. Fujimoto A, Nakagawa H, Hosono N, Nakano K, Abe T, et al. (2010) Whole-genome sequencing and comprehensive variant analysis of a Japanese individual using massively parallel sequencing. *Nature genetics* 42: 931–936. doi:10.1038/ng.691.
12. Rasmussen M, Guo X, Wang Y, Lohmueller KE, Rasmussen S, et al. (2011) An Aboriginal Australian Genome Reveals Separate Human Dispersals into Asia. *Science* 334: 94–98. doi:10.1126/science.1211177.
13. Patowary A, Purkanti R, Singh M, Chauhan RK, Bhartiya D, et al. (2012) Systematic analysis and functional annotation of variations in the genome of an Indian individual. *Hum Mutat* 33: 1133–1140. doi:10.1002/humu.22091.
14. Gupta R, Ratan A, Rajesh C, Chen R, Kim HL, et al. (2012) Sequencing and analysis of a South Asian-Indian personal genome. *BMC Genomics* 13: 440. doi:10.1186/1471-2164-13-440.

15. Wang J, Wang W, Li R, Li Y, Tian G, et al. (2008) The diploid genome sequence of an Asian individual. *Nature* 456: 60–65. doi:10.1038/nature07484.
16. Gonzaga-Jauregui C, Lupski JR, Gibbs RA (2012) Human Genome Sequencing in Health and Disease. *Annual Review of Medicine* 63: 35–61.
17. Green RE, Krause J, Briggs AW, Maricic T, Stenzel U, et al. (2010) A draft sequence of the Neandertal genome. *Science* 328: 710–722. doi:10.1126/science.1188021.
18. Burbano HA, Hodges E, Green RE, Briggs AW, Krause J, et al. (2010) Targeted investigation of the Neandertal genome by array-based sequence capture. *Science* 328: 723–725. doi:10.1126/science.1188046.
19. Fagundes NJR, Kanitz R, Bonatto SL (2008) A reevaluation of the Native American mtDNA genome diversity and its bearing on the models of early colonization of Beringia. *PLoS ONE* 3: e3157. doi:10.1371/journal.pone.0003157.
20. O'Rourke DH, Raff JA (2010) The human genetic history of the Americas: the final frontier. *Current Biology* 20: R202–R207.
21. Forster P, Harding R, Torroni A, Bandelt HJ (1996) Origin and evolution of Native American mtDNA variation: a reappraisal. *American Journal of Human Genetics* 59: 935–945.
22. Rothhammer F, Dillehay TD (2009) The late Pleistocene colonization of South America: An interdisciplinary perspective. *Annals of human genetics* 73: 540–549.
23. Sambrook J, Fritsch EF, Maniatis T (1989) *Molecular cloning*. Cold Spring Harbor Laboratory Press. pp.

---

## **EQUIPE 2 – Inteligência Computacional**

### **Subprojeto 1. APLICAÇÃO DE INTELIGÊNCIA COMPUTACIONAL E SUPORTE À DECISÃO PARA DESCOBERTA DE PADRÕES BIOLÓGICOS**

#### **Introdução**

Os constantes avanços tecnológicos na área de sequenciamento genético, particularmente no que refere à classe *Hight-Throughput Sequencing*, fizeram com que a quantidade de estudos em Biologia Computacional (Bioinformática) obtivesse um crescimento exponencial, como mostram dados do *National Center for Biotechnology Information* - NCBI.

Estas tecnologias e plataformas emergentes promovem o sequenciamento de DNA, sendo capazes de gerar informação sobre milhões de pares de bases em uma única corrida. Por sua vez, a leitura e interpretação de grande quantidade de dados requer auxílio computacional para que sejam realizadas as análises necessárias, a fim de se identificar e validar àquelas informações biologicamente úteis.

A análise de dados de plataformas biotecnológicas de alto desempenho deve ser baseada na integração do domínio de ferramentas sofisticadas e em conceitos de estatística e de bioinformática, assim como uma compreensão detalhada das questões biológicas e clínicas a resolver. Diversos projetos aplicaram estas ferramentas para análise e estudo de problemas específicos e produziram grande volume de dados disponível para acesso público (HapMap, 1000 Genomes, Encode REF).

Em função da premência em extrair informações de grande quantitativo de dados, em intervalo menor de tempo, que esta proposta remete à subárea de inteligência computacional conhecida como Extração de Conhecimento de Base de Dados (*Knowledge Discovery in Database* - KDD). O KDD desponta como uma tecnologia capaz de cooperar amplamente na

busca do conhecimento embutido nos dados, consistindo em uma combinação de métodos e ferramentas de estatística, inteligência computacional, visualização e banco de dados para encontrar padrões e regularidades nos dados.

### **Objetivo**

O objetivo que este projeto propõe é uma abordagem altamente multidisciplinar, envolvendo bioinformática, modelagem matemática e inteligência computacional para desenvolver e aplicar nas análises dos dados disponíveis dos diversos projetos genômicos (HapMap, 1000 Genomes, Encode REF) e os produzidos pelos grupos envolvidos no projeto.

### **Metodologia**

A extração de conhecimento a partir de dados a ser aplicada é englobada pelos seguintes passos: seleção; preparação/pré-processamento dos dados; mineração de dados (*data mining*); e avaliação do conhecimento extraído, via observação, análise e consolidação dos resultados, e utilização do conhecimento extraído nas decisões.

Seguindo estas premissas, direcionadas às análises biológicas, temos que as principais áreas da computação se veem aplicadas: aplicação de algoritmos inteligentes para as análises de padrões no processo de mineração de dados, seguindo as principais tarefas de aprendizado de máquina, classificação, clusterização, correlação e análise de cenários; modelagem de banco de dados para preparação e pré-processamento, analogamente também possibilitando a criação/integração de banco de dados biológicos heterogêneos; análise e programação paralela para otimização de processamento e/ou modelos computacionais; assim como o uso de tecnologias emergentes e computacionalmente transversais, como o uso de *Big Data* para armazenar e processar dados e a aplicação de algoritmos híbridos via *MapReduce* para análise de dados.

Pretende-se, portanto, desenvolver e aplicar diversas técnicas de inteligência computacional e mineração de dados para analisar os dados

disponíveis dos diversos projetos genômicos (HapMap, 1000 Genomes, Encode REF) e os produzidos pelos grupos envolvidos no projeto.

### **Resultados Esperados**

Ao término do projeto, espera-se desenvolver, modelos de inteligência computacional e suporte à decisão para identificar padrões de importância biológica, conservados ou associados a cenários importantes.

### **Bibliografia**

A. Isaev. Introduction to Mathematical Methods in Bioinformatics, Springer. 2006.

E. Keedwell, A. Narayanan. Intelligent Bioinformatics, The application of artificial intelligence techniques to bioinformatics problems, John Wiley & Sons, 2005.

J. Han, M. Kamber. Data mining: concepts and techniques. Third Edition. Morgan Kaufmann, 2011.

N. Koski, J. Noble. Bayesian Networks. John Wiley Professional. 2009.

S. Fakhraei, H. Soltanian-Zadeh, F. Fotouhi, and K. Elisevich, "Effect of classifiers in consensus feature ranking for biomedical datasets," in Proceedings of the ACM fourth international workshop on Data and text mining in biomedical informatics; 2010.

### **Subprojeto 2. VARIABILIDADE GENÉTICA DE SITIOS DE LIGAÇÃO DE FATORES DE TRANSCRIÇÃO EM HUMANOS.**

#### **Introdução**

A regulação gênica nos organismos eucarióticos é formada por interações complexas entre o DNA e proteínas que atuam como fatores de



transcrição (Lemon, 2000; Whitfield *et al.*, 2012). Estes fatores são capazes de estimular ou inibir o processo de transcrição, ao se ligar aos seus sítios específicos (Lemon, 2000). Os fatores de transcrição são importantes elementos da regulação pré-transcricional. A RNA polimerase só é capaz de desempenhar sua função quando ativada por determinados fatores de transcrição. Tal tipo de regulação atua também no desenvolvimento do organismo (Stern, 2000), na expressão diferencial de genes (Lemon, 2000; Whitfield *et al.*, 2012) e manutenção da saúde (Cam; Dynlacht, 2003; Connolly; Stearns, 2013; Lee; Koh; Kim, 2013; Reimer *et al.*, 2006; Trinklein *et al.*, 2003). Portanto, alterações nestes fatores ou em seus sítios de ligação no DNA influenciam a expressão gênica em tipos celulares distintos, sob condições específicas, que podem ajudar a explicar doenças complexas como câncer e diabetes (Lemon, 2000; Whitfield *et al.*, 2012).

Durante muito tempo, estudos sobre estes fatores e seus sítios de ligação foram tímidos quando comparados a análises de variabilidade de sítios codificadores (~2%) do genoma. Para atender esta deficiência desenvolveu-se o projeto ENCODE (The Encyclopedia of DNA Elements), que tem como objetivo mapear e identificar todos os elementos funcionais do genoma humano (The Encode Project Consortium, 2012), incluído os sítios de ligação dos fatores de transcrição (TFBS). Paralelamente, o projeto 1,000 Genomes sequenciou o genoma de indivíduos de diversas regiões do mundo com o objetivo de caracterizar a maioria das variantes genéticas humana (The 1000 Genomes Project Consortium, 2010, 2012).

Com a disponibilização pública dos dados de ambos os projetos nos últimos anos (The 1000 Genomes Project Consortium, 2010, 2012; The Encode Project Consortium, 2012), torna-se possível explorar a variabilidade e conservação dos TFBS do genoma humano. Por meio desta análise se pode identificar mutações de implicações clínicas (resposta a drogas, suscetibilidade a doenças e outras) e explorar o perfil genético destas em populações humanas.

## **Objetivo**

Identificar as principais mutações humanas contidas em sítios de ligação para fatores de transcrição (TFBS) e suas potenciais implicações fenotípicas.

## **Objetivos Específicos**

- Identificar as mutações descritas pelo projeto 1,000 Genomes, contidas em regiões de TFBS.
- Identificar padrões de conservação dos TFBS.
- Identificar TFBS altamente conservados e suas mutações que possam ser associados a condições clínicas.
- Avaliar o perfil genético das mutações selecionadas na população brasileira e ou tradicional.

## **Metodologia**

Para o desenvolvimento do trabalho proposto, inicialmente será realizada a transferência de uma cópia dos dados públicos disponibilizado pelos projetos ENCODE (The Encode Project Consortium, 2012) e 1,000 Genomes (The 1000 Genomes Project Consortium, 2010, 2012) para um servidor de trabalho. Neste servidor será transferido os dados referentes a chamada de polimorfismos do projeto 1,000 Genomes, que inclui o genótipo de 1,092 indivíduos dos continentes Europeu, Asiático, Africano e Americano. Também será transferida a localização das regiões de TFBS identificadas pelo projeto ENCODE.

Os polimorfismos em região de TFBS serão selecionados utilizando o pacote de programas GATK (The Genome Analysis Toolkit) (DePristo *et al.*, 2011; McKenna *et al.*, 2010). A seguir serão desenvolvidos programas para identificar o TFBS e gene a que cada polimorfismo está associado e para avaliar a taxa de conservação do sítio. As análises estatísticas e seleção serão realizadas no pacote estatístico R (R Core Team, 2012).

A partir dos dados obtidos será selecionado um conjunto de mutações em regiões de TFBS conservados ou associados a genes importantes para serem estudado o perfil genético na população brasileira.

### **Resultados Esperados**

Ao término do projeto, espera-se encontrar um conjunto de mutações em sítio de TFBS conservados ou associados a genes importantes para clínica (resposta a drogas, suscetibilidade a doença e outros) para serem investigados em relação ao seu perfil genético na população brasileira com a finalidade de melhor compreender a resposta e etiologia da população a doenças complexas como câncer, diabetes e outras.

### **Bibliografia**

CAM, H.; DYNLACHT, B. D. Emerging roles for E2F: beyond the G1/S transition and DNA replication. **Cancer cell**, v. 3, n. 4, p. 311–6, abr. 2003.

CONNOLLY, R. M.; STEARNS, V. Postmenopausal hormone receptor-positive advanced breast cancer. **Oncology (Williston Park, N.Y.)**, v. 27, n. 6, p. 571–2, 574, 576 passim, jun. 2013.

DEPRISTO, M. A. *et al.* A framework for variation discovery and genotyping using next-generation DNA sequencing data. **Nature genetics**, v. 43, n. 5, p. 491–8, maio. 2011.

LEE, K. H.; KOH, S. A.; KIM, J.-R. Hepatocyte growth factor-mediated gastrin-releasing peptide induces IL-8 expression through Ets-1 in gastric cancer cells. **Oncology research**, v. 20, n. 9, p. 393–402, jan. 2013.

LEMON, B. Orchestrated response: a symphony of transcription factors for gene control. **Genes & Development**, v. 14, n. 20, p. 2551–2569, 15 out. 2000.

MCKENNA, A. *et al.* The Genome Analysis Toolkit: a MapReduce framework for analyzing next-generation DNA sequencing data. **Genome research**, v. 20, n. 9, p. 1297–303, set. 2010.

R CORE TEAM. R Vienna, Austria, 2012. Disponível em: <<http://www.r-project.org/>>

REIMER, D. *et al.* Expression of the E2F family of transcription factors and its clinical relevance in ovarian cancer. **Annals of the New York Academy of Sciences**, v. 1091, p. 270–81, dez. 2006.

STERN, D. L. Evolutionary developmental biology and the problem of variation. **Evolution; international journal of organic evolution**, v. 54, n. 4, p. 1079–91, ago. 2000.

THE 1000 GENOMES PROJECT CONSORTIUM. A map of human genome variation from population-scale sequencing. **Nature**, v. 467, n. 7319, p. 1061–73, 28 out. 2010.

THE 1000 GENOMES PROJECT CONSORTIUM. An integrated map of genetic variation from 1,092 human genomes. **Nature**, v. 491, n. 7422, p. 56–65, 1 nov. 2012.

THE ENCODE PROJECT CONSORTIUM. An integrated encyclopedia of DNA elements in the human genome. **Nature**, v. 489, n. 7414, p. 57–74, 6 set. 2012.

TRINKLEIN, N. D. *et al.* Identification and functional analysis of human transcriptional promoters. **Genome research**, v. 13, n. 2, p. 308–12, 1 fev. 2003.

WHITFIELD, T. W. *et al.* Functional analysis of transcription factor binding sites in human promoters. **Genome biology**, v. 13, n. 9, p. R50, jan. 2012.

### Subprojeto 3. **ESTUDO DE ASSOCIAÇÃO DE POLIMORFISMOS NOS GENES DA VIA DE BIOSÍNTESE DOS HORMÔNIOS ESTEROIDES E RECEPTOR DA PROGESTERONA E A ETIOLOGIA DO CÂNCER GÁSTRICO EM POPULAÇÕES TRADICIONAIS DA AMAZÔNIA.**

#### **Introdução**

O subprojeto proposto se soma as outras propostas aqui já identificadas que apresentam como ponto de partida inicial o sequenciamento de populações tradicionais da Amazônia. Consequentemente será gerado um banco de dados de genomas das populações Sulamericanas que irão adensar ainda mais aqueles já disponíveis (Kuehn BM, 2012), principalmente no que diz respeito à lista das mutações (SNPs e INDELS) observadas entre as diversas populações Sul Americanas (Kuehn BM, 2012).

O câncer gástrico é um problema de saúde pública de primeira importância (Jemal et al., 2011). Em 2008, um milhão de novos casos foram diagnosticados no mundo, levando este câncer a ocupar o quarto lugar em incidência de tumor maligno e a segunda causa de morte com cerca de 738.000 óbitos, representando 10% dos óbitos totais por câncer (Jemal et al., 2011). A taxa de incidência desta doença não possui uma distribuição homogênea e 70% dos novos casos foram detectados em países em desenvolvimento (Jemal et al., 2011). Esta observação pode estar relacionada a fatores epigenéticos, como o consumo de produtos tradicionais (fermentados, defumados ou salgados) e/ou a infecção por *Helicobacter pylori* (Jemal et al., 2011), ou em alguns casos a fatores genéticos que predis põem o indivíduo ao desenvolvimento da doença principalmente em populações asiáticas e populações descendentes (Saif et al., 2010). Consequentemente, as regiões de maior incidência do câncer gástrico são o Leste do continente da Ásia, o Leste Europeu e a América do Sul (Jemal et al., 2011).

A exploração de dados de polimorfismos é primordial para poder detectar predisposição genética ou mutações associadas ao desenvolvimento de doenças (Kuehn BM, 2012). Esta associação pode ser feito na escala do genoma (GWAS) ou mais especificamente a uma via de metabolismo e

regulação importante, como por exemplo, a via dos hormônios esteroides e dos receptores destes compostos.

### **Objetivo**

Catalogar por métodos da biologia computacional (bioinformáticos), todas as mutações presentes nas regiões gênicas (promotores e regiões codificantes) e todas as moléculas reguladores dos genes desta via (microRNAs, ncRNAs..) que possam estar associados ao desenvolvimento do câncer gástrico.

### **Objetivos Específicos**

- Investigar a distribuição populacional das mutações identificadas associadas com o câncer gástrico;
- Prever por meio de biologia de sistema as repercussões das mutações observadas nos genes.

### **Resultados Esperados**

Pretende-se fornecer subsídios para a identificação das mutações ou moléculas reguladoras envolvidas ao câncer, assim como o desenvolvimento de biologia de sistemas para a melhor compreensão das alterações identificadas.

### **Bibliografia**

Kuehn BM. 1000 Genomes Project finds substantial genetic variation among populations. JAMA. 2012 12;308(22):2322, 2325.

Jemal A, Bray F, Center MM, Ferlay J, Ward E, Forman D Global cancer statistics. CA Cancer Journal Clinical 2011 61: 69-90

Saif MW, Makrilia N, Zalonis A, Merikas M, Syrigos K (2010) Gastric cancer in the elderly: an overview. Eur J Surg Oncol 36: 709-717.

---

## **EQUIPE 3 – Genômica Aplicada ao Câncer Gástrico**

Subprojeto 1. **ENGENHARIA DE SISTEMAS BIOLÓGICOS** - Avaliação do efeito do silenciamento do gene *MYC* na carcinogênese gástrica: desenvolvimento de terapia celular e de nova metodologia diagnóstica e prognóstica.

### **Introdução**

O câncer gástrico é o quarto tumor maligno mais frequente no mundo, e a maior parte dos casos concentram-se em países em desenvolvimento, como o Brasil. No estado do Pará, devido à alta incidência, essa neoplasia representa um grave problema de saúde pública.

O conhecimento do processo de carcinogênese gástrica é de suma importância para que sejam tomadas medidas profiláticas na região. Estudos anteriores do nosso grupo de pesquisa (Leal et al., 2011; 2012a; 2012b) demonstraram que a superexpressão do gene *MYC* é um fenômeno comum na carcinogênese gástrica e dessa forma, acredita-se que a redução da expressão desse gene poderia ser uma estratégia de terapia gênica contra os tumores de estômago (Labisso et al., 2012).

A proteína *MYC* é um fator de transcrição que regula aproximadamente 15% dos genes humanos, portanto, a análise da expressão gênica em larga escala em linhagens celulares pode auxiliar na compreensão no mecanismo de expressão e silenciamento do gene *MYC* (Tahara et al., 2004).

### **Objetivo**

O objetivo da presente proposta é analisar o efeito do bloqueio da transcrição do gene *MYC* (silenciamento) em linhagens celulares de câncer gástrico por meio do desenvolvimento de RNA de interferência (iRNA).

### **Metodologia**

A expressão gênica será avaliada utilizando uma plataforma de microarray. Será realizado o bloqueio da transcrição do gene *MYC*, em linhagens celulares de câncer gástrico, por meio do desenvolvimento de RNA de interferência (iRNA). Portanto, a expressão será investigada antes e após o silenciamento de *MYC*.

A análise dos resultados obtidos pelo experimento de microarray será executada através de ferramentas de bioinformática por meio busca em bancos de dados *online*. Estes alinham e comparam os genes identificados e classificam aqueles diferencialmente expressos. O processo de validação dos resultados obtidos (expressão diferencial) dos genes selecionados e de seus alvos proteicos, assim como do próprio *MYC*, será realizado pela comparação com amostras clínicas de mucosa gástrica não neoplásica, lesões pré-malignas e câncer gástrico esporádico e hereditário.

Após todas essas etapas de análises e do silenciamento por meio de um iRNA, genes regulados por *MYC* e suas proteínas poderão ser utilizados como biomarcadores de diagnóstico e/ou prognóstico da carcinogênese do estômago. A finalização deste processo permitirá o depósito de pedido de patente de nova metodologia diagnóstica e prognóstica do câncer gástrico, ou depósito de certificado de adição da invenção PI1107322-5.

Adicionalmente, pretendemos fornecer subsídios para a utilização do iRNA sintético de *MYC* na terapia do câncer de estômago, o que nos permitirá formar recursos humanos em biologia sintética para fins de terapia celular e em engenharia de bioprocessos (tecnologias de culturas de tecidos), além de gerar novas e incrementais informações sobre a tumorigênese gástrica, que possibilitarão uma melhor compreensão da etiologia e fisiopatologia dessa neoplasia.

### **Resultados Esperados**

Pretende-se fornecer subsídios para a utilização do iRNA sintético de *MYC* na terapia do câncer de estômago, assim como o desenvolvimento de biotecnologia de ponta aplicando todas as áreas envolvidas na presente proposta, das ciências biológicas as ciências exatas.



## **Bibliografia**

Labisso WL, Wirth M, Stojanovic N, Stauber RH, Schnieke A, Schmid RM, Krämer OH, Saur D, Schneider G. MYC directs transcription of MCL1 and eIF4E genes to control sensitivity of gastric cancer cells toward HDAC inhibitors. *Cell Cycle*. 2012; 11:1593-602.

Leal MF, Calcagno DQ, Borges da Costa Jde F, Silva TC, Khayat AS, Chen ES, Assumpção PP, de Arruda Cardoso Smith M, Burbano RR. MYC, TP53, and chromosome 17 copy-number alterations in multiple gastric cancer cell lines and in their parental primary tumors. *J Biomed Biotechnol*. 2011, 2011:631268.

Leal MF, Chung J, Calcagno DQ, Assumpção PP, Demachki S, da Silva ID, Chammas R, Burbano RR, de Arruda Cardoso Smith M. Differential proteomic analysis of noncardia gastric cancer from individuals of northern Brazil. *PLoS One*. 2012a; 7:e42255.

Leal MF, Calcagno DQ, Demachki S, Assumpção PP, Chammas R, Burbano RR, Smith Mde A. Clinical implication of 14-3-3 epsilon expression in gastric cancer. *World J Gastroenterol*. 2012b; 18:1531-7.

Tahara E. Genetic pathways of two types of gastric cancer. *IARC Sci Publ*. 2004; 157:327-49.

## II. OBJETIVOS

### a. OBJETIVOS GERAIS

- Integrar distintas ações em pesquisa, ensino e inovação tecnológica realizadas, em caráter multiinstitucional, pelos diferentes grupos de pesquisas que desenvolvem projetos integrados locais e/ou nacionais na área de biologia computacional.
- Apoiar o estabelecimento de competência de pesquisa translacional que integre dados biológicos aos dados clínicos, por meio do desenvolvimento de algoritmos e ferramentas computacionais para análise, interpretação, visualização, armazenamento e mineração.
- Fortalecer a formação de recursos humanos qualificados, nos diferentes níveis do conhecimento; ampliar o intercâmbio acadêmico entre Programas de Pós-Graduações adensando o conhecimento da Biologia Computacional.
- Formar profissionais diferenciados e mais completos que atuem direta ou indiretamente nas linhas de bioinformática, aplicação de inteligência computacional e suporte à decisão, engenharia, oncologia, genômica, transcriptômica e proteômica.

### b. OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Formação de recursos humanos em nível de iniciação científica, mestrado e doutorado ligados as áreas de Biologia Computacional;
- Treinamento de pessoal por meio de estágios;
- Formação de pessoal qualificado para atuar em diferentes áreas do mercado de trabalho, como ciências e tecnologia, empresas privadas, suporte para parques de ciência e tecnologia;
- Transferência do conhecimento por meio de atividades

didáticas (Palestras, Seminários, Produção de Material Didático, etc);

- Publicações envolvendo docentes e discentes em revistas indexadas;
- Transferência de tecnologia;
- Treinamento do corpo técnico das IES envolvidas;
- Democratização de competência;
- Mitigação das desigualdades intraregionais;
- Fortalecimento de áreas de investigação de fronteira do conhecimento.

### III. ÁREAS TEMÁTICAS E LINHAS DE PESQUISA

- DESENVOLVIMENTO DE ALGORITMOS PARA MINERAÇÃO, ANÁLISE FUNCIONAL E VISUALIZAÇÃO DE SISTEMAS BIOLÓGICOS; ANÁLISE E INTERPRETAÇÃO DE DADOS GERADOS PELAS TECNOLOGIAS DE ALTO DESEMPENHO NAS ÁREAS DE GÊNOMICA, TRANSCRIPTÔMICA, PROTÊOMICA E METAGENÔMICA.
- DESENVOLVIMENTO DE TECNOLOGIAS WEB PARA ARMAZENAMENTO E PROCESSAMENTO DE INFORMAÇÕES BIOLÓGICAS.
- ESTUDO DE EVOLUÇÃO MOLECULAR E COMPARAÇÃO DE GENOMAS EM LARGA ESCALA.
- DESENVOLVIMENTO DE ALGORITMOS PARA ANÁLISE E INTEGRAÇÃO DE DADOS BIOLÓGICOS E CLÍNICOS APLICADOS A PESQUISA TRANSLACIONAL.

### IV. AÇÕES PREVISTAS

O presente projeto foi elaborado de forma a atingir resultados e metas que possam ser consideradas como de curto ou médio prazo (aquelas que devem ser atingidas durante os dois anos de duração do projeto) e que

devem servir de base para o objetivo maior que é o desenvolvimento da **Biologia Computacional**, assim como subsidiar pesquisas básico-clínicas em uma Unidade de Atendimento de Alta Complexidade do Câncer (UNACON-UFPA) do HUIBB, recém criada na cidade de Belém, região Amazônica, pela iniciativa conjunta do Instituto do Câncer (INCA) e da Universidade Federal do Pará (UFPA).

Adicionalmente, este projeto trata da continuação e desenvolvimento de pesquisas conjuntas nas áreas de ciências básicas e aplicadas (medicina genômica) que já apresentam resultados preliminares (produtos e processos) relacionados à identificação de BIOMARCADORES ou genes que predisõem ao câncer. Entre as ações identificadas citamos:

### **1) Disciplinas:**

O presente projeto apesar de ser desenvolvido com apoio de três principais Programas de Pós-Graduação da UFPA [Pós-Graduação em Genética e Biologia Molecular (PPGBM); Pós-Graduação em Engenharia Elétrica (PPGEN); e Pós-Graduação em Oncologia e Ciências Médicas (PPGOCM)] e duas equipes associadas de outras IES (Instituições de Ensino Superior) [Universidade Federal do Rio Grande do Norte (UFRGN) e Universidade Federal Rural da Amazônia (UFRA)], a âncora geral (coordenação geral) a partir da qual partirão as ações e missões acadêmicas será o PPGBM, no qual apresento um pequeno relato:

- Programa de Pós-Graduação em Genética e Biologia Molecular (PPGBM) será a âncora do presente projeto. O PPGBM da Universidade Federal do Pará (UFPA) foi criado em 2001. Tem como objetivos gerais: promover a formação de profissionais da área de Ciências Biológicas e áreas afins, preparando-os como docentes e pesquisadores, buscando a melhoria da qualidade do ensino e o progresso do conhecimento, com aplicações diretas ou indiretas ao desenvolvimento nacional e à melhoria de condições de vida, particularmente dos habitantes da região Amazônica e a conservação da biodiversidade, ecossistemas e recursos naturais. Mais especificamente, se propõe a formar recursos humanos em nível de MESTRADO E DOUTORADO, com treinamento em técnicas de biologia

molecular e com visão voltada para a solução, tanto de problemas regionais como nacionais.

A partir do ano de 2009, em atendimento ao Programa PAPGIES, que estimulou os Programas de Pós-Graduações ao exercício de planejamento de crescimento para a próxima década, o PPGBM iniciou atividades em três novas linhas de pesquisa que incluem: a BIOINFORMÁTICA, a BIOTECNOLOGIA e a ONCOLOGIA. Especificamente o que diz respeito à BIOINFORMÁTICA, o estabelecimento de competência, dentro de um programa bem estabelecido (CAPES nota seis (6) no triênio 2010-2012), e em uma região como a Amazônia, permitirá o diálogo entre o conhecimento básico e sua aplicação, com desenvolvimento de processos e produtos, assim como a oferta de serviços que atendam à demanda da sociedade e da região.

No ano de 2009 pesquisadores do PPGBM também aprovaram um projeto que criou todas as condições iniciais necessárias para o desenvolvimento dessas três novas linhas de pesquisa. O Projeto em questão (REDE PARAENSE DE GENÔMICA E PROTEOMICA), gerenciado pelo Dr. Artur Silva, teve apoio da CAPES e do Governo do Estado do Pará. Para expandir a nova etapa de crescimento, foram comprados sequenciadores de DNA de nova geração (metodologia SOLID, em diferentes versões e, mais recentemente, a metodologia do aparelho ION e PROTON) e estabelecidas relações de colaboração científica com outros grupos de pesquisas nacionais e internacionais. Assim é que o crescimento da linha de BIOINFORMÁTICA foi estimulada, em grande parte, pela capacidade, agora estabelecida, de gerar grandes quantidades de novos dados biológicos em plataformas NGS (sequenciamento de nova geração), assim como pela capacidade de análise.

A implementação da área de BIOINFORMÁTICA só foi possível pela existência de ilhas de competência, já estabelecidas no PPGBM. Esses grupos de pesquisa se uniram e aprovaram (em 2007 e 2008) dois projetos no edital PROCAD, voltados para a formação de recursos humanos e estabelecimento de competência na área, dos quais um deles coordenado pela Dra. Ândrea Ribeiro dos Santos. Os projetos aprovados têm como parceiras a Universidade Federal de Minas Gerais/FIOCRUZ (MG) e a

Universidade de São Paulo - Ribeirão Preto (SP), ambas com reconhecimento e competência estabelecida dentro desta linha de pesquisa.

Todos os alunos da primeira e alguns da segunda e terceira turma de Bioinformática da PPGBM da UFPA já concluíram sua formação. Além disso, através da cooperação apoiada pela CAPES foram (e ainda são) realizadas missões acadêmicas, intercâmbios de alunos entre as universidades, tendo por objetivo o compartilhamento das competências de cada grupo, o que tem colaborado fortemente para a execução de trabalhos de análise (tanto laboratoriais como computacionais) de grandes regiões do genoma.

No que diz respeito especificamente aos trabalhos de genômica relacionados aos organismos eucariotos, é importante ressaltar que necessitam de uma logística de análise mais ampla por serem maiores e mais complexos. Nosso primeiro estudo nesta área foi o estudo de câncer gástrico realizado com a plataforma SOLiD, grupo liderado pela Dra. Ândrea Ribeiro dos Santos (UFPA) que resultou na publicação do primeiro miRnome gástrico - Ultra-Deep Sequencing Reveals the microRNA Expression Pattern of the Human Stomach no periódico PLOS One (ver currículo Lattes da coordenadora). Mais recentemente, publicamos o artigo do primeiro genoma de um nativo da Amazônia High-Throughput Sequencing of a South American Amerindian no periódico PLOS One (December 2013, Volume 8, Issue 12, | e83340).

Com base no exposto acima e na experiência prévia do grupo, as disciplinas que serão ofertadas para o desenvolvimento deste projeto (com formação de Recursos Humanos em nível de Mestrado e Doutorado) na Biologia Computacional, serão compostas de conteúdos programáticos ministrados pelos docentes/pesquisadores do PPGBM/UFPA e pelas missões acadêmicas dos distintos grupos e IES que compõem o projeto, além dos colaboradores estrangeiros. De modo geral prevemos pelo menos duas rodas (uma na sede e outra em uma das IES participantes) de cada um dos módulos de disciplinas (módulo I e II), descritos abaixo:

#### **Módulo I - Disciplinas Obrigatórias:**

- Introdução a Biologia Molecular (30H) M/D1
- Introdução a Computação (30H) M/D

- Genômica I (30H) M/D
- Algoritmo I (30H) M/D
- Técnicas de Biologia Computacional (30H) M/D
- Mineração de Dados (30H) D
- Genética de Populações, Análise de Dados Genômicos (30H) M/D
- Bioestatística Genômica (30H) M/D

**Módulo II - Disciplinas Optativas:**

- Redes Neurais Artificiais (30H) D
- Banco de Dados e BigData (30H) M/D
- Algoritmo II (30H) M/D
- Genômica II (30H) M/D
- Inteligência Computacional (30H) M/D
- Proteômica (30H) M/D
- Genômica Aplicada a Genética Médica (30H) M/D

---

1 - M/D – Mestrado e Doutorado

**2) Disseminação do Conhecimento:**

A disseminação do conhecimento gerado no presente projeto será realizada por meio de sete (7) ações previstas e descritas abaixo:

**a) Missões Acadêmicas:** Pretende-se realizar missões “in loco” na UFPA e nas outras IES participantes, onde serão convidados docentes/pesquisadores participantes do projeto, assim como outros docentes/pesquisadores colaboradores estrangeiros para ministrarem os conteúdos novos. Para aqueles centros em que não for possível ou não se justifique a realização das missões acadêmicas, pretende-se migrar os participantes para o “sitio in loco” ou o mais próximo da ação.

**b) Estágios dentro e fora do domicílio:** Os participantes, preferencialmente de outros centros, terão que realizar estágios fora do domicílio, como proposta de adensar de conhecimento este “novo” participante externo. De modo geral, pretende-se proporcionar estágios acadêmicos nos diferentes níveis (4 Graduações no país; 2 Graduações no exterior; 6 Mestrados no país; 6 Doutorados no país; 4 Doutorados no

exterior; 4 Sênior no exterior; 3 Pós-Doc no país; 4 Pós-Doc no exterior; 2 Prof. Visitantes do exterior).

**c) Eventos Satélites Nacional(is) e Internacional(is):** Realizaremos eventos ou participaremos de eventos (como exemplo X-Meeting; Cong. Brasileiro de Genética, etc.) onde ocorrerá o acompanhamento e a disseminação do conhecimento gerado pelo presente projeto, aos seus pares, abrindo à participação de elementos externos ao projeto.

**d) Publicação de Resumos, Artigos, Processos e Produtos:** Os produtos gerados pelo projeto serão publicados entre seus pares em formato de resumos submetidos em eventos científicos nacional(is) e internacional(is); artigos científicos e artigo de divulgação; processos e produtos em geral, quer seja em formato de documentos-websites e/ou patentes.

**e) Palestras, Conferências e Simpósios, etc.:** Os resultados obtidos também serão divulgados por meio de palestras, reuniões científicas, mesa-redondas, conferências, simpósios e etc.

**f) Desenvolvimento do “site do projeto - Rede de Pesquisa em Genômica Populacional Humana”:** Todas as ações propostas (missões, palestras, publicações, etc.) estarão disponíveis em um website específico do projeto, a partir do qual utilizaremos a tecnologia de disseminação, com ferramentas interativas e cursos. Especificamente no que diz respeito às práticas e aos aspectos de inovação e aperfeiçoamento em práticas curriculares, em nível de pós-graduação e ensino fundamental, reuniremos as interdisciplinaridades de fronteira em Biologia Computacional.

**g) Treinamento e Cursos Práticos e de Nivelamento:** Disponibilizaremos treinamentos nos diferentes laboratórios, equipes e IES que participam do projeto em todos os níveis do conhecimento. De igual realizaremos 10 cursos voltados preferencialmente para o ensino fundamental (oferecidos aos colégios) e de graduação entre os quais citamos: Noções Básicas de Biologia Computacional; Anotação Gênica, entre outros.



### **3) Formação de recursos humanos nos diferentes níveis da qualificação:**

Temos como meta formar 10 alunos em nível de Graduação; 4 alunos de Iniciação Científica, treinamentos em técnicas avançadas de genômica e Bioinformática; 10 alunos em nível de Mestrado; e 6 alunos em nível de Doutorado. Com maior ênfase no DOUTORADO e no treinamento em técnicas avançadas de genômica e biologia computacional;

## **V. RESULTADOS ESPERADOS/IMPACTOS PREVISTOS**

Nossa maior perspectiva ao final do projeto é que se tenha criado um grupo solido de pesquisadores na área de bioinformática, com ênfase especial na análise do genoma humano, especialmente centrados na identificação de variações que podem ter relevância médica e antropológica. De forma muito específica, ao final do projeto pretende-se formar pelo menos 10 alunos de Graduação, 4 de Iniciação Científica, 10 de Mestrado e 6 alunos de doutorado que desenvolverão suas dissertações e teses de forma a : (i) estabelecer competência na região da Amazônia Legal; (ii) repassar para a sociedade após a fase de validação, os resultados obtidos, por meio do uso aplicado e de treinamento de recursos humanos; (iii) apresentar os resultados entre seus pares nos congressos e outras reuniões científicas e publicar em periódicos de circulação internacional.

O fortalecimento da Bioinformática está diretamente relacionado a construção de parcerias, assim como do intercâmbio do conhecimento entre a comunidade acadêmica nacional e internacional (Universidade do Porto - Portugal; Universidad de Buenos Aires - Argentina; Universidade de Santidade de Compustela – Espanha; Universidade de Goettingen - Alemanha; Centro de Análise Genômica do Norwich Research Park - Reino Unido; Institute for Research in Computer Science and Random Systems – França; Harvard Medical School – Estados Unidos), realizado de forma interdisciplinar. Portanto, o desenvolvimento da presente REDE DE PESQUISA solidificará ainda mais a competência na área de Biologia Computacional (Bioinformática), com o auxilio de grupos de pesquisadores

que trabalhem de forma translacional dentro do tema geral estabelecido aqui: Genômica Populacional Humana. Abaixo seguem os resultados por equipe:

### **EQUIPE 1 – Genômica Populacional Humana**

#### **Subprojeto 1. IDENTIFICAÇÃO DO VARIOMA A PARTIR DO SEQUENCIAMENTO DE LARGA ESCALA DE GENOMAS DE POPULAÇÕES TRADICIONAIS DA AMAZÔNIA.**

Ao término do projeto, espera-se demonstrar a variabilidade genética ainda a ser descoberta em populações humanas e colaborar com a compreensão da variabilidade presente nas populações sulameríndias e quilombolas da Amazônia, além do entendimento sobre prováveis mecanismos de adoecimento destas populações.

### **EQUIPE 2 – Inteligência Computacional**

#### **Subprojeto 1. APLICAÇÃO DE INTELIGÊNCIA COMPUTACIONAL E SUPORTE À DECISÃO PARA DESCOBERTA DE PADRÕES BIOLÓGICOS**

Espera-se desenvolver, modelos de inteligência computacional e suporte à decisão para identificar padrões de importância biológica, conservados ou associados a cenários importantes.

#### **Subprojeto 2. VARIABILIDADE GENÉTICA DE SITIOS DE LIGAÇÃO DE FATORES DE TRANSCRIÇÃO EM HUMANOS.**

Espera-se encontrar um conjunto de mutações em sítio de TFBS conservados ou associados a genes importantes para clínica (resposta a drogas, suscetibilidade a doença e outros) para serem investigados em relação ao seu perfil genético na população brasileira com a finalidade de melhor compreender a resposta e etiologia da população às doenças complexas como câncer, diabetes e outras.

**Subprojeto 3. ESTUDO DE ASSOCIAÇÃO DE POLIMORFISMOS NOS GENES DA VIA DE BIOSÍNTESE DOS HORMÔNIOS ESTEROIDES E RECEPTOR DA PROGESTERONA E A ETIOLOGIA DO CÂNCER GÁSTRICO EM POPULAÇÕES TRADICIONAIS DA AMAZÔNIA.**

Pretende-se fornecer subsídios para a identificação das mutações ou moléculas reguladoras envolvidas ao câncer, assim como o desenvolvimento de biologia de sistemas para a melhor compreensão das alterações identificadas na via de biossíntese dos hormônios esteróides e receptor de progesterona.

**EQUIPE 3 – Genômica Aplicada ao Câncer Gástrico**

**Subprojeto 1. ENGENHARIA DE SISTEMAS BIOLÓGICOS -** Avaliação do efeito do silenciamento do gene *MYC* na carcinogênese gástrica: desenvolvimento de terapia celular e de nova metodologia diagnóstica e prognóstica.

Pretende-se fornecer subsídios para a utilização do iRNA sintético de *MYC* na terapia do câncer de estômago, assim como o desenvolvimento de biotecnologia de ponta aplicando todas as áreas envolvidas na presente proposta, das ciências biológicas às ciências exatas.

**VI. EQUIPE DE DOCENTES/PESQUISADORES**

**Nome:** Ândrea Kely Campos Ribeiro-dos-Santos

**Titulação:** PhD

**Publicações:**

- SANTOS, Ney Pereira Carneiro dos ; Callegari-Jacques, Sidia ; Silva, Cleonardo Augusto ; VALLINOTO, Antonio Carlos Do Rosário ; FERNANDES, D. C. R. O. ; CARVALHO, D. C. ; SANTOS, Sidney ; HUTZ, Mara Helena ; Ribeiro-dos-Santos, Ândrea . 'N-acetyl transferase 2 and

cytochrome P450E1 genes and isoniazid-induced hepatotoxicity in Brazilian patients'. The International Journal of Tuberculosis and Lung Disease, v. 1, p. 1-7, 2013.

- Ota, Vanessa Kiyomi ; CHRISTOFOLIN, D. ; BELLUCCO, F. T. ; MARI, J. ; BRESSAN, R. ; Ribeiro-Dos-Santos, Ândrea K. C. ; SANTOS, Sidney ; BELANGERO, S. I. N. ; Smith, Marília de Arruda Cardoso . Candidate genes for schizophrenia in a mixed Brazilian population using pooled DNA. Psychiatry Research (Print), p. S0165-1781(12), 2013.
- Costa, Igor Brasil ; ALENCAR, Dayse O. ; Moraes, Milene Raiol ; Pessoa, Igor Andrade ; BRITO, A. W. M. ; SANTOS, Sidney ; Burbano, Rommel ; Ribeiro-dos-Santos, Ândrea . Molecular Characterization of TP53 Gene in Human Populations Exposed to Low-Dose Ionizing Radiation. BioMed Research International, v. 2013, p. 1-9, 2013.
- Roewer, Lutz NOTHNAGEL, M. GUSMÃO, L. GOMES, V. GONZALEZ, M. CORACH, D. SALA, A. ALECHINE, E. Palha, Teresinha SANTOS, Ney Pereira Carneiro dos Ribeiro-dos-Santos, Ândrea GEPPERTO, M. WILLUWEIT, S. NAGY, M. ZWEYNERT, S. BAETA, M. NUNEZ, C. MARTINEZ-JARRETA, B. GONZALEZ-ANDRADE, F. CARVALHO, E. F. SILVA, D. A. BUILES, J. J. TURBON, D. PARRA, A. M. L. ARROYO-PARDO, E. , et al. ; Continent-Wide Decoupling of Y-Chromosomal Genetic Variation from Language and Geography in Native South Americans. PLOS Genetics (Online), v. 9, p. e1003460, 2013.
- CARDENA, MARI M. S. G. ; Ribeiro-dos-Santos, Ândrea ; SANTOS, Sidney ; MANSUR, ALFREDO J. ; PEREIRA, ALEXANDRE C. ; FRIDMAN, CINTIA . Assessment of the Relationship between Self-Declared Ethnicity, Mitochondrial Haplogroups and Genomic Ancestry in Brazilian Individuals. Plos One, v. 8, p. e62005, 2013.
- Rosal, Carolina T.S. ; LEAL, M. F. ; Calcagno, D.Q. ; SOZINHO, E. K. C. ; Nascimento, Barbara ; Montenegro, Raquel Carvalho ; SANTOS, A. K. C. R. ; SANTOS, Sidney ; RIBEIRO, H. F. ; ASSUMPÇÃO, Paulo Pimentel de ; SMITH, M. C. ; BURBANO, Rommel Mario Rodriguez . MYC Deregulation in Gastric Cancer and Its Clinicopathological Implications. Plos One, v. 8, p. e64420, 2013.

- Garcia, Patricia A. ; ALENCAR, Dayse O. ; Pinto, Pablo D. ; SANTOS, Ney Pereira Carneiro dos ; SALGADO, C. G. ; Sortica, Vinicius A. ; HUTZ, M. H. ; Ribeiro-dos-Santos, Ândrea ; SANTOS, Sidney . Haplotypes of IL10 gene (A-1082G, C-819T and C-592A) as potential protection factors in leprosy patients.. Clinical and Vaccine Immunology, v. 20, p. 185, 2013.
- GUERREIRO, João Farias ; Meyer, Diogo ; Diniz, Isabela Guerreiro ; Ribeiro-dos-Santos, Ândrea ; SANTOS, Eduardo José Melo dos ; Clegg, John B. . -Globin polymorphisms in amerindian populations from the brazilian amazon. American Journal of Human Biology, p. n/a-n/a, 2012.
- Palha, Teresinha ; Gusmão, Leonor ; Ribeiro-Rodrigues, Elzemar ; GUERREIRO, João Farias ; Ribeiro-dos-Santos, Ândrea ; Santos, Sidney ; Kayser, Manfred . Disclosing the Genetic Structure of Brazil through Analysis of Male Lineages with Highly Discriminating Haplotypes. Plos One, v. 7, p. e40007, 2012.
- Pinto, Pablo D. ; SALGADO, C. G. ; SANTOS, Ney Pereira Carneiro dos ; ALENCAR, Dayse O. ; Santos, Sidney ; HUTZ, M. H. ; Ribeiro-dos-Santos, Ândrea . Polymorphisms in the CYP2E1 and GSTM1 Genes as Possible Protection Factors for Leprosy Patients. Plos One, v. 7, p. e47498, 2012.
- Batista-dos-Santos, Sergio ; Moraes, Milene Raiol ; Santos, Sidney ; CUNHA, Maristela Gomes da ; Ribeiro-dos-Santos, Ândrea . Real-time PCR diagnosis of Plasmodium vivax among blood donors. Malaria Journal (Online), v. 11, p. 345-358, 2012.
- FRIEDRICH, DEISE C. ; SANTOS, SIDNEY E. B. ; Ribeiro-dos-Santos, Ândrea K. C. ; Hutz, Mara H. . Several Different Lactase Persistence Associated Alleles and High Diversity of the Lactase Gene in the Admixed Brazilian Population. Plos One, v. 7, p. e46520, 2012.
- SORTICA, VINICIUS DE A. ; Ojopi, Elida B. ; Genro, Júlia P. ; Callegari-Jacques, Sidia ; Ribeiro-dos-Santos, Ândrea ; de Moraes, Manoel Odorico ; Romano-Silva, Marco A. ; Pena, Sérgio D. J. ; Suarez-Kurtz, Guilherme ; Hutz, Mara H. . Influence of Genomic Ancestry on the Distribution of SLCO1B1, SLCO1B3 and ABCB1 Gene Polymorphisms

among Brazilians. Basic & Clinical Pharmacology & Toxicology (Print), v. 110, p. 460-468, 2012.

- Ota, Vanessa Kiyomi ; SPÍNDOLA, LETÍCIA NERY ; Gadelha, Ary ; SANTOS FILHO, AIRTON FERREIRA DOS ; SANTORO, MARCOS LEITE ; Christofolini, Denise Maria ; Bellucco, Fernanda Teixeira ; Ribeiro-dos-Santos, Ândrea Kely ; SANTOS, Sidney ; MARI, JAIR DE JESUS ; MELARAGNO, MARIA ISABEL ; Bressan, Rodrigo Affonseca ; Smith, Marília de Arruda Cardoso ; Belangero, Sirtia Iole . DRD1 rs4532 polymorphism: A potential pharmacogenomic marker for treatment response to antipsychotic drugs. Schizophrenia Research (Print), v. 142, p. 206-208, 2012.

- SORTICA, VINICIUS A ; CUNHA, MARISTELA G ; OHNISHI, MARIA DEISE ; SOUZA, JOSE M ; RIBEIRO-DOS-SANTOS, ÂNDREA KC ; SANTOS, NEY PC ; CALLEGARI-JACQUES, SÍDIA M ; SANTOS, SIDNEY EB ; Hutz, Mara H . IL1B, IL4R, IL12RB1 and TNF gene polymorphisms are associated with Plasmodium vivax malaria in Brazil. Malaria Journal (Online), v. 11, p. 409, 2012.

- Marinho, ANR ; MORAES, Milene R ; Santos, Sidney ; Ribeiro-dos-Santos, Ândrea . HUMAN AGING AND ACCUMULATION OF SOMATIC POINT MUTATIONS: A COMPARATIVE STUDY OF GENERATIONAL DIFFERENCES (GRANDPARENTS AND GRANDCHILDREN). Genetics and Molecular Biology (Impresso), v. 34, p. 31-34, 2011.

- PALHA, Teresinha de Jesus Brabo Ferreira ; Ribeiro-Rodrigues, Elzemar M. ; Ribeiro-dos-Santos, Ândrea K.C. ; GUERREIRO, Joao Farias ; Moura, Luciene Soraya ; Santos, Sidney . Male Ancestry Structure and Interethnic Admixture in African-Descent Communities from the Amazon as Revealed by Y-Chromosome STRs. American Journal of Physical Anthropology, v. 144, p. 471-478, 2011.

- Pena, Sérgio DJ ; Di Pietro, Giuliano ; Fuchshuber-Moraes, Mateus ; Genro, Juliana P. ; Hutz, Mara H. ; Kehdi, Fernanda ; Kohlrausch, Fabiana ; Lopes, Mariana Paiva ; Magno, Luiz A.V. ; Montenegro, Raquel Carvalho ; Moraes, Manuel Odorico ; Moraes, Maria Elisabete A. ; Moraes, Milene Raiol ; Ojopi, Élide B. ; Perini, Jamila A ; Racciopi, Clarice ; Ribeiro-dos-

Santos, Ândrea K.C. ; Rios-Santos, Fabricio ; Romano-Silva, M. A. ; Sortica, Vinicius A. ; Suarez-Kurtz, Guilherme . The Genomic Ancestry of Individuals from Different Geographical Regions of Brazil is more Uniform than Expected (in press). Plos One, v. 6, p. 1/e17063-9, 2011.

- Sombra, Carla Maria Lima ; Cavalcanti, B. C. ; Moraes, Manoel Odorico ; Santos, Sidney ; Ribeiro-dos-Santos, Ândrea ; Burbano, Rommel ; Pessoa, Cláudia do Ó . GENETIC BIOMONITORING OF INHABITANTS EXPOSED TO URANIUM IN THE NORTH REGION OF BRAZIL.. Ecotoxicology and Environmental Safety, v. 74, p. 1402-1407, 2011.

- Ribeiro-Rodrigues, Elzemar Martins ; PALHA, Teresinha de Jesus Brabo Ferreira ; Bittencourt, Eloisa Auler ; Ribeiro-dos-Santos, Ândrea ; Santos, Sidney . Extensive survey of 12 X-STRs reveals genetic heterogeneity among Brazilian populations. International Journal of Legal Medicine (Print), v. 125, p. 445-452, 2011.

- Lopes Maciel, Luana Gomes ; Ribeiro Rodrigues, Elzemar Martins ; Carneiro Dos Santos, Ney Pereira ; Ribeiro-dos-Santos, Ândrea ; Guerreiro, João Farias ; Santos, Sidney . Afro-Derived Amazonian Populations: Inferring Continental Ancestry and Population Substructure. Human Biology (Print), v. 83, p. 627-636, 2011.

- Santos, Ney P.C. ; Ribeiro-Rodrigues, Elzemar M. ; Ribeiro-dos-Santos, Ândrea K.C. ; Pereira, Rui ; Gusmão, Leonor ; Amorim, António ; Guerreiro, João F. ; Zago, Marco A. ; Matte, Cecília ; Hutz, Mara H. ; Santos, Sidney E.B. . Assessing individual interethnic admixture and population substructure using a 48-insertion-deletion (INSEL) ancestry-informative marker (AIM) panel. Human Mutation, v. 31, p. 184-190, 2010.

- Guimarães, Adriana Costa ; Antunes, Lusânia Maria Gregg ; Ribeiro, Helem Ferreira ; Santos, Ândrea Kelly Ribeiro ; Santos Cardoso, Plínio Cerqueira ; Lima, Patrícia Lima ; Seabra, Aline Damasceno ; Pontes, Thaís Brilhante ; Pessoa, Claudia ; Moraes, Manoel Odorico ; Cavalcanti, Bruno Coelho ; Sombra, Carla Maria Lima ; Oliveira Bahia, Marcelo ; Burbano, Rommel Rodríguez ; Ribeiro-dos-Santos, Ândrea K.C. . Cytogenetic biomonitoring of inhabitants of a large uranium mineralization area: the

municipalities of Monte Alegre, Prainha, and Alenquer, in the State of Pará, Brazil. *Cell Biology and Toxicology*, v. 20, p. 1-13, 2010.

- Suarez-Kurtz, G ; Genro, J P ; de Moraes, M O ; Ojopi, E B ; Pena, S D J ; Perini, J A ; Ribeiro-dos-Santos, A ; Romano-Silva, M A ; Santana, I ; Struchiner, C J ; Ribeiro-dos-Santos, Ândrea . Global pharmacogenomics: Impact of population diversity on the distribution of polymorphisms in the CYP2C cluster among Brazilians. *Pharmacogenomics Journal (Print)*, p. x-xx, 2010.

- Ota, Vanessa Kiyomi ; Belangero, Sintia Iole ; Gadelha, Ary ; Bellucco, Fernanda Teixeira ; Christofolini, Denise Maria ; Mancini, Tatiane Iris ; Ribeiro-dos-Santos, Ândrea Kelly ; Santos, Sidney Emanuel ; de Jesus Mari, Jair ; Bressan, Rodrigo Affonseca ; SANTOS, A. K. C. R. 1L rs5992403 polymorphism is associated with age at onset of schizophrenia. *Journal of Psychiatric Research*, p. 1/0022-3956/\$-3, 2010.

- Freitas, Natalle S. C. ; Resque, Rafael L. ; Ribeiro-Rodrigues, Elzemar M. ; Guerreiro, João F. ; Santos, Ney P. C. ; Ribeiro-dos-Santos, Ândrea ; Santos, Sidney ; Ribeiro-dos-Santos, Ândrea K.C. . X-linked insertion/deletion polymorphisms: forensic applications of a 33-markers panel. *International Journal of Legal Medicine*, p. 1437-1596, 2010.

- Ribeiro-dos-Santos, Ândrea ; Khayat, André S. ; Silva, Artur ; ALENCAR, Dayse O. ; Lobato, Jessé ; Luz, Larissa ; Pinheiro, Daniel G. ; Varuzza, Leonardo ; Assumpção, Monica ; Assumpção, Paulo ; Santos, Sidney ; Zanette, Dalila L. ; Silva, Wilson A. ; Burbano, Rommel ; Darnet, Sylvain . Ultra-Deep Sequencing Reveals the microRNA Expression Pattern of the Human Stomach. *Plos One*, v. 5, p. e13205, 2010.

- RODRIGUES, Elzemar Martins Ribeiro ; PALHA, Teresinha de Jesus Brabo Ferreira ; SANTOS, Ândrea Kely Campos Ribeiro dos ; SANTOS, Sidney Emanuel Batista dos ; Ribeiro-dos-Santos, Ândrea . Genetic data of twelve X-STRs in a Japanese immigrant population resident in Brazil. *Forensic Science International. Genetics (Print)*, v. 4, p. e57-e58, 2010.

- ALVES, Erick ; Cruz, Clebar ; Pimentel, Clebson ; Ribeiro, Rita ; Ribeiro-dos-Santos, Ândrea ; CALDATO, Milena Fernandes ; Santana-da-Silva, L.C. . High Frequency D727E Polymorphisms in Exon 10 of the TSHR



gene in Congenital Hypothyroidism Brazilian Patients. *Journal of Pediatric Endocrinology & Metabolism*, v. 23, p. 1321-1328, 2010.

- Resque, Rafael Lima ; Freitas, Natalle Do Socorro Da Costa ; RODRIGUES, Elzemar Martins Ribeiro ; Guerreiro, João Farias ; SANTOS, Ney Pereira Carneiro dos ; Ribeiro-dos-Santos, Ândrea ; ZAGO, Marco Antonio ; Santos, Sidney . Estimates of interethnic admixture in the Brazilian population using a panel of 24 X-linked insertion/deletion markers. *American Journal of Human Biology*, v. 22, p. 849-852, 2010.

- SUAREZ-KURTZ, G. ; AMORIM, A. ; DAMASCENO, A. ; HUTZ, M. ; MORAES, M. O. ; OJOPI, E. B. ; PENA, S. D. ; PERINI, J. A. ; PRATA, M. J. ; SANTOS, A. K. C. R. ; ROMANO-SILVA, M.A. ; TEIXEIRA, D. ; STRUCHINER, C. J. . VKORC1 polymorphisms in Brazilians: comparison with the Portuguese and Portuguese-speaking Africans and pharmacogenetic implications.. *Pharmacogenomics (London)*, v. 11, p. 1257-1267, 2010.

- RODRIGUES, Elzemar Martins Ribeiro ; Santos, Ney Pereira Carneiro ; Santos, Ândrea Kely Campos Ribeiro ; Marinho, Anderson Nonato ; ZAGO, Marco Antonio ; Gomes, Iva ; Amorim, António ; Gusmão, Leonor ; SANTOS, Sidney Emanuel Batista . An INDEL polymorphism at the X-STR GATA172D05 flanking region. *International Journal of Legal Medicine*, v. 123, p. 89-94, 2009.

- CUNHA, Maristela Gomes da ; MEDINA, T. S. ; Oliveira, Salma G. ; MARINHO, Anderson Nonato Do Rosário ; PÓVOA, Marinete Marins ; SANTOS, A. K. C. R. (PCR) method based on amplification of mitochondrial DNA to detect *Plasmodium falciparum* and *Plasmodium vivax*. *Acta Tropica*, v. 111, p. 35-38, 2009.

- Dos Santos, Sidney E. B. ; Ribeiro-Rodrigues, Elzemar M. ; Ribeiro-Dos-Santos, Ândrea K. C. ; Hutz, Mara H. ; Tovo-Rodrigues, Luciana ; Salzano, Francisco M. ; Callegari-Jacques, Sidia M. . Autosomal STR Analyses in Native Amazonian Tribes Suggest a Population Structure Driven by Isolation by Distance. *Human Biology (Print)*, v. 81, p. 71-88, 2009.

- Ribeiro-Rodrigues, Elzemar Martins ; Santos, Ney Pereira Carneiro ; SANTOS, A. K. C. R. ; Pereira, R. ; Amorim, António ; Gusmão, Leonor ;

ZAGO, Marco Antonio ; SANTOS, Sidney E. B. dos . Assessing Interethnic Admixture Using an X-Linked Insertion-Deletion Multiplex. American Journal of Human Biology, v. 22, p. 1-3, 2009.

- Salgado, Claudio Guedes ; Tavares, Livia Simone Alves ; Plautz, Helio Longoni ; Da Silva, Moises Batista ; Yamano, Suellen Sirleide Pereira ; Da Costa, Patricia Fagundes ; HAMOY, Igor Guerreiro ; Marinho, Anderson Nonato Do Rosario ; SALgado, Ubirajara Imbiriba ; Da Silva, Jorge Pereira ; SANTOS, A. K. C. R. (Oxford. Print), v. 47, p. 119-123, 2009.
- Perini, J.A. ; Vargens, D.D. ; Santana, I.S.C. ; Moriguchi, E.H. ; SANTOS, A. K. C. R. ; TSUTSUMI, M. ; KURTZ, Guilherme Suarez . Pharmacogenetic polymorphisms in Brazilian-born, first-generation Japanese descendants. Brazilian Journal of Medical and Biological Research (Impresso), v. 42, p. 1179-1184, 2009.
- SANTOS, Sidney Emanuel Batista dos ; RIBEIRO-RODRIGUES, E. M. ; SANTOS, A. K. C. R. ; HUTZ, Mara Helena ; TOVO-RODRIGUES, L. ; SALZANO, Francisco Mauro ; CALLEGARI-JACQUES, S. M. . STRs and Population Structure in Native Amazonia, Brazil Searching for Barriers to Gene Flow at Tribal Level. Human Biology, v. 01, p. 01-05, 2009.

**Linhas de Pesquisas:** Farmacogenética; Bioinformática; Ancestralidade Genômica e Identidade Nacional; Genética Médica; Genética Forense; Genética Populacional; mtDNA

**Currículo Lattes:** <http://lattes.cnpq.br/3899534338451625>

---

**Nome:** Sidney Emanuel Batista dos Santos

**Titulação:** PhD

**Publicações:**

- OTA, VANESSA KIYOMI ; BELLUCCO, F. T. ; CHRISTOFOLINI, D. ; MARI, J. ; BRESSAN, R. ; RIBEIRO-DOS-SANTOS, A. ; Santos, Sidney ; BREEN, G. ; BELANGERO, S. I. N. ; SMITH, MARILIA DE ARRUDA

CARDOSO . Candidate genes for schizophrenia in a mixed Brazilian population using pooled DNA. *Psychiatry Research (Print)*, p. 0165-1781, 2013.

- BRASIL-COSTA, I. ; ALENCAR, Dayse de Oliveira ; MORAES, Milene Raiol de ; PESSOA, I. A. ; BRITO, A. W. M. ; JATI, S. R. ; Santos, Sidney ; BURBANO, Rommel Mario Rodriguez ; RIBEIRO-DOS-SANTOS, A. K. C. . Molecular Characterization of TP53 Gene in Human Populations Exposed to Low-Dose Ionizing Radiation. *BioMed Research International*, v. 2013, p. 1-9, 2013.
- VASCONCELOS, JANAINA MOTA DE ; MÓIA, LIZOMAR DE JESUS MAUÉS PEREIRA ; AMARAL, IVANETE DO SOCORRO ABRAÇADO ; MIRANDA, ESTHER CASTELLO BRANCO MELLO ; CICALISETAKESHITA, LOUISE YUKARI ; OLIVEIRA, LAYANNA FREITAS DE ; MENDES, LILIAN DE ARAÚJO MELO ; SASTRE, DANUTA ; TAMEGÃO-LOPES, BRUNA PEDROSO ; PEDROZA, LARYSSE SANTA ROSA DE AQUINO ; Santos, Sidney Emanuel Batista dos ; SOARES, MANOEL DO CARMO PEREIRA ; ARAÚJO, MARIALVA TEREZA FERREIRA DE ; BANDEIRA, CAMILA LUCAS ; SILVA, ADRIANA MARIA PAIXÃO DE SOUSA DA ; MEDEIROS, ZILENE LAMEIRA DE ; SENA, LEONARDO ; DEMACHKI, Samia ; SANTOS, Eduardo José Melo dos . Association of killer cell immunoglobulin-like receptor polymorphisms with chronic hepatitis C and responses to therapy in Brazil. *Genetics and Molecular Biology (Impresso)*, v. 36, p. 022-027, 2013.
- ROEWER, L. ; NOTHNAGEL, M. ; GUSMÃO, L. ; GONZALEZ, M. ; GOMES, V. ; CORACH, D. ; SALAS, A. ; ALECHINE, E. ; PALHA, Teresinha de Jesus Brabo Ferreira ; SANTOS, Ney Pereira Carneiro dos ; RIBEIRO-DOS-SANTOS, A. K. C. ; GEPPERTO, M. ; WILLUWEIT, S. ; NAGY, M. ; ZWEYNERT, S. ; BAETA, M. ; NUNEZ, C. ; MARTINEZ-JARRETA, B. ; GONZALEZ-ANDRADE, F. ; CARVALHO, E. ; Santos, Sidney . Continent-Wide Decoupling of Y-Chromosomal Genetic Variation from Language and Geography in Native South Americans. *PLOS Genetics (Online)*, v. 9, p. e1003460, 2013.

- CARDENA, MARI M. S. G. ; RIBEIRO-DOS-SANTOS, Ândrea ; Santos, Sidney ; MANSUR, ALFREDO J. ; PEREIRA, ALEXANDRE C. ; FRIDMAN, CINTIA . Assessment of the Relationship between Self-Declared Ethnicity, Mitochondrial Haplogroups and Genomic Ancestry in Brazilian Individuals. Plos One, v. 8, p. e62005, 2013.
- IBARRA, ADRIANA ; FREIRE-ARADAS, ANA ; MARTÍNEZ, MARTHA ; FONDEVILA, MANUEL ; BURGOS, GERMAN ; CAMACHO, MAURICIO ; OSTOS, HENRY ; SUAREZ, ZULEYMA ; CARRACEDO, ANGEL ; Santos, Sidney ; Gusmão, Leonor . Comparison of the genetic background of different Colombian populations using the SNPforID 52plex identification panel. International Journal of Legal Medicine (Print), v. 1, p. on line, 2013.
- ROSAL, C. T. ; LEAL, M. F. ; CALGANO, D. ; SOZINHO, E. K. C. ; NASCIMENTO, B. ; MONTENEGRO, R. C. ; RIBEIRO-DOS-SANTOS, Ândrea Kely Campos ; Santos, Sidney . MYC Deregulation in Gastric Cancer and Its Clinicopathological Implications. Plos One, v. 8, p. e64420, 2013.
- SANTOS, Ney Pereira Carneiro dos ; Callegari-Jacques, S. M. C. ; RIBEIRO-DOS-SANTOS, A. ; Silva, Cleonardo Augusto ; VALLINOTO, Antônio Carlos Rosário ; Fernandes ; CARVALHO, D. C. ; Santos, Sidney ; HUTZ, Mara Helena . N-acetyl transferase 2 and cytochrome P450 2E1 genes and isoniazid-induced hepatotoxicity in Brazilian patients. The International Journal of Tuberculosis and Lung Disease, v. 17, p. 499-504, 2013.
- Palha, Teresinha ; Ribeiro-Rodrigues, Elzemar ; Ribeiro-dos-Santos, Ândrea ; Santos, Sidney . Fourteen short tandem repeat loci Y chromosome haplotypes: Genetic analysis in populations from northern Brazil. Forensic Science International. Genetics (Print), v. 6, p. 413-418, 2012.
- Hamoy, I.G. ; Santos, Sidney . Short Communication Multiplex PCR panel of microsatellite markers for the tambaqui, *Colossoma macropomum*, developed as a tool for use in conservation and broodstock management. Genetics and Molecular Research, v. 11, p. 141-146, 2012.
- Pereira, Rui ; Phillips, Christopher ; Pinto, Nádia ; Santos, Carla ; Santos, Sidney ; Amorim, António ; Carracedo, Ángel ; Gusmão, Leonor .

Straightforward Inference of Ancestry and Admixture Proportions through Ancestry-Informative Insertion Deletion Multiplexing. Plos One, v. 7, p. e29684, 2012.

- Palha, Teresinha ; Gusmão, Leonor ; Ribeiro-Rodrigues, Elzemar ; GUERREIRO, João Farias ; RIBEIRO-DOS-SANTOS, Ândrea ; Santos, Sidney ; Kayser, Manfred . Disclosing the Genetic Structure of Brazil through Analysis of Male Lineages with Highly Discriminating Haplotypes. Plos One, v. 7, p. e40007, 2012.

- Francez, Pablo Abdon da Costa ; Ramos, Luiz Patrick Vidal ; PALHA, Teresinha de Jesus Brabo Ferreira ; Santos, Sidney Emanuel Batista dos . Haplotype diversity of 17 Y-str loci in an admixed population from the Brazilian Amazon. Genetics and Molecular Biology (Impresso), v. 35, p. 45-52, 2012.

- Costa Francez, Pablo Abdon ; RODRIGUES, Elzemar Martins Ribeiro ; Velasco, Afrânio Maurício ; Santos, Sidney Emanuel Batista . Insertion deletion polymorphisms utilization on forensic analysis. International Journal of Legal Medicine (Print), v. 126, p. 491-496, 2012.

- Francez, Pablo Abdon da Costa ; Ribeiro-Rodrigues, Elzemar Martins ; dos Santos, Sidney Emanuel Batista . Allelic frequencies and statistical data obtained from 48 AIM INDEL loci in an admixed population from the Brazilian Amazon. Forensic Science International. Genetics (Print), v. 6, p. 132-135, 2012.

- Batista-dos-Santos, Sergio ; MORAES, Milene Raiol de ; Santos, Sidney ; CUNHA, Maristela Gomes da ; RIBEIRO-DOS-SANTOS, Ândrea Kely Campos . Real-time PCR diagnosis of Plasmodium vivax among blood donors. Malaria Journal (Online), v. 11, p. 345-358, 2012.

- PINTO, P. D. ; SALGADO, Claudio Guedes ; SANTOS, Ney Pereira Carneiro dos ; Alencar, Dayse O. ; Santos, Sidney ; HUTZ, M. ; RIBEIRO-DOS-SANTOS, A. . Polymorphisms in the CYP2E1 and GSTM1 Genes as Possible Protection Factors for Leprosy Patients. Plos One, v. 7, p. e47498, 2012.

- OTA, VANESSA KIYOMI ; SPÍNDOLA, LETÍCIA NERY ; GADELHA, ARY ; SANTOS FILHO, AIRTON FERREIRA DOS ; SANTORO, MARCOS

LEITE ; CHRISTOFOLINI, DENISE MARIA ; BELLUCCO, FERNANDA TEIXEIRA ; RIBEIRO-DOS-SANTOS, ÂNDREA KELLY ; Santos, Sidney ; MARI, JAIR DE JESUS ; MELARAGNO, MARIA ISABEL ; BRESSAN, RODRIGO AFFONSECA ; SMITH, MARILIA DE ARRUDA CARDOSO ; BELANGERO, SINTIA IOLE . DRD1 rs4532 polymorphism: A potential pharmacogenomic marker for treatment response to antipsychotic drugs. *Schizophrenia Research (Print)*, v. 06, p. xxx-xxx, 2012.

- FRIEDRICH, DEISE C. ; SANTOS, SIDNEY E. B. ; RIBEIRO-DOS-SANTOS, ÂNDREA K. C. ; Hutz, Mara H. . Several Different Lactase Persistence Associated Alleles and High Diversity of the Lactase Gene in the Admixed Brazilian Population. *Plos One*, v. 7, p. e46520, 2012.

- KIMURA, LILIAN ; Ribeiro-Rodrigues, Elzemar Martins ; DE MELLO AURICCHIO, MARIA TERESA BALESTER ; VICENTE, JOÃO PEDRO ; Batista Santos, Sidney Emanuel ; MINGRONI-NETTO, REGINA CÉLIA . Genomic ancestry of rural African-derived populations from Southeastern Brazil. *American Journal of Human Biology*, v. 11, p. n/a-n/a, 2012.

- SORTICA, VINICIUS A ; CUNHA, MARISTELA G ; OHNISHI, MARIA DEISE ; SOUZA, JOSE M ; RIBEIRO-DOS-SANTOS, Ândrea KC ; SANTOS, NEY PC ; CALLEGARI-JACQUES, SÍDIA M ; Santos, Sidney EB ; HUTZ, MARA H . IL1B, IL4R, IL12RB1 and TNF gene polymorphisms are associated with plasmodium vivax malaria in Brazil. *Malaria Journal (Online)*, v. 11, p. 409, 2012.

- Francez, Pablo Abdon da Costa ; RODRIGUES, Elzemar Martins Ribeiro ; Frazão, Gleycianne Furtado ; Borges, Nathalia Danielly dos Reis ; Santos, Sidney . Allelic frequencies and statistical data obtained from 12 codis STR loci in an admixed population of the Brazilian Amazon. *Genetics and Molecular Biology (Impresso)*, v. 34, p. 35-39, 2011.

- Pedroza, L. ; Sauma, M. ; Vasconcelos, J. ; Takeshita, L. ; Ribeiro-Rodrigues, E. ; Sastre, D. ; Barbosa, C. ; Chies, J. ; Veit, T. ; Lima, C. ; Oliveira, L. ; Henderson, B. ; Castro, A. ; Maia, M. ; Barbosa, F. ; Santos, S. ; Guerreiro, J. ; Sena, L. ; SANTOS, E. ; Santos, Sidney E.B. . Systemic lupus erythematosus: Association with KIR and SLC11A1 polymorphisms, ethnic predisposition and influence in clinical manifestations at onset revealed by

ancestry genetic markers in an urban Brazilian population. *Lupus* (Basingstoke), v. 20, p. 265-273, 2011.

- PALHA, Teresinha de Jesus Brabo Ferreira ; Ribeiro-Rodrigues, Elzemar Martins ; RIBEIRO-DOS-SANTOS, Ândrea ; GUERREIRO, João Farias ; de Moura, Luciene Soraya Souza ; Santos, Sidney . Male ancestry structure and interethnic admixture in African-descent communities from the Amazon as revealed by Y-chromosome Strs. *American Journal of Physical Anthropology*, v. 144, p. 471-478, 2011.

- MARINHO, Anderson Nonato Do Rosário ; MORAES, Milene Raiol de ; Santos, Sidney ; Santos, Ândrea Ribeiro-dos- . Human aging and somatic point mutations in mtDNA: a comparative study of generational differences (grandparents and grandchildren). *Genetics and Molecular Biology* (Impresso), v. 34, p. 31-34, 2011.

- Tarazona-Santos, Eduardo ; Castilho, Lilian ; Amaral, Daphne R. T. ; Costa, Daiane C. ; Furlani, Natália G. ; Zuccherato, Luciana W. ; Machado, Moara ; Reid, Marion E. ; Zalis, Mariano G. ; Rossit, Andréa R. ; Santos, Sidney E. B. ; Machado, Ricardo L. ; Lustigman, Sara ; Santos, Sidney E.B. . Population Genetics of GYPB and Association Study between GYPB\*S/s Polymorphism and Susceptibility to *P. falciparum* Infection in the Brazilian Amazon. *Plos One*, v. 6, p. e16123, 2011.

- Ribeiro-Rodrigues, Elzemar Martins ; PALHA, Teresinha de Jesus Brabo Ferreira ; Bittencourt, Eloisa Auler ; RIBEIRO-DOS-SANTOS, Ândrea ; Santos, Sidney . Extensive survey of 12 X-STRs reveals genetic heterogeneity among Brazilian populations. *International Journal of Legal Medicine* (Print), p. 221-229, 2011.

- Lima Sombra, Carla Maria ; Coêlho Cavalcanti, Bruno ; de Moraes, Manoel Odorico ; Santos, Sidney ; RIBEIRO-DOS-SANTOS, Ândrea ; Rodríguez Burbano, Rommel ; Pessoa, Cláudia . Genetic biomonitoring of inhabitants exposed to uranium in the north region of Brazil. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, v. 74, p. 1402-1407, 2011.

- MACIEL, Luana Gomes Lopes ; Ribeiro-Rodrigues, Elzemar ; Santos, Ney P. C. ; RIBEIRO-DOS-SANTOS, Ândrea ; GUERREIRO, Joao Farias ; Santos, Sidney . Afro-Derived Amazonian Populations: Inferring Continental

Ancestry and Population Substructure. Human Biology (Print), v. 83, p. 627-636, 2011.

- Callegari-Jacques, Sidia M. ; Tarazona-Santos, Eduardo M. ; Gilman, Robert H. ; Herrera, Phabiola ; Cabrera, Lilia ; Santos, Sidney ; Morães, Luiza ; Hutz, Mara H. ; Salzano, Francisco M. . Autosomal STRs in native South America-Testing models of association with geography and language. American Journal of Physical Anthropology, v. 145, p. 371-381, 2011.

- Bakos, Renato M. ; Besch, Robert ; Zoratto, Gabriela G. ; Godinho, Janaína M. ; Mazzotti, Nicolle G. ; Ruzicka, Thomas ; BAKOS, Lucio ; Santos, Sidney E. ; Ashton-Prolla, Patricia ; Berking, Carola ; Giugliani, Roberto . The CDKN2A p.A148T variant is associated with cutaneous melanoma in Southern Brazil. Experimental Dermatology, v. 20, p. 890-893, 2011.

- HAMOY, I. G. ; Hamoy, Igor Guerreiro ; Cidade, Fernanda Witt ; Barbosa, Maria Silvanira ; Santos, Sidney E.B. ; Gonçalves, Evonnildo Costa . Isolation and characterization of tri and tetranucleotide microsatellite markers for the tambaqui (*Colossoma macropomum*, Serrasalminidae, Characiformes). Conservation Genetics Resources (Print), v. 3, p. 33-36, 2011.

- RODRIGUES, Elzemar Martins R ; PALHA, Teresinha de Jesus Brabo Ferreira ; RIBEIRO-DOS-SANTOS, A. K. C. ; SANTOS, S. E. B. . Genetic data of twelve X-STRs in a Japanese immigrant population resident in Brazil. Forensic Science International. Genetics (Print), v. 4, p. e57-e58, 2010.

- Santos, Ney P.C. ; Ribeiro-Rodrigues, Elzemar M. ; Ribeiro-dos-Santos, Ândrea K.C. ; Pereira, Rui ; Gusmão, Leonor ; Amorim, António ; Guerreiro, João F. ; Zago, Marco A. ; Matte, Cecília ; Hutz, Mara H. ; Santos, Sidney E.B. . Assessing individual interethnic admixture and population substructure using a 48-insertion-deletion (INSEL) ancestry-informative marker (AIM) panel. Human Mutation, v. 31, p. 184-190, 2010.

- Freitas, Natália S. C. ; Resque, Rafael L. ; Ribeiro-Rodrigues, Elzemar M. ; Guerreiro, João F. ; Santos, Ney P. C. ; RIBEIRO-DOS-SANTOS, Ândrea ; Santos, Sidney . X-linked insertion/deletion polymorphisms:



forensic applications of a 33-markers panel. *International Journal of Legal Medicine*, p. 441, 2010.

- Palha, Teresinha Jesus Brabo Ferreira ; RODRIGUES, Elzemar Martins Ribeiro ; Santos, Sidney E.B. . Y-STR haplotypes of Native American populations from the Brazilian Amazon region. *Forensic Science International. Genetics (Print)*, v. 4, p. e121-e123, 2010.
- Sintia Iole ; F.T.S ; D.M ; M.I. ; M.A.C. ; ARY ; VANESSA KIYOMI ; RIBEIRO-DOS-SANTOS, Ândrea KC ; SANTOS, S. E. B. ; R. . The UFD1L rs5992403 polymorphism is associated with age at onset of schizophrenia. *Journal of Psychiatric Research*, p. 01, 2010.
- Resque, Rafael Lima ; FREITAS, Natalle Do Socorro da Costa ; RODRIGUES, Elzemar Martins Ribeiro ; GUERREIRO, João Farias ; SANTOS, Ney Pereira Carneiro dos ; Ribeiro Dos Santos, Ândrea ; ZAGO, Marco Antonio ; Santos, Sidney . Estimates of interethnic admixture in the Brazilian population using a panel of 24 X-linked insertion/deletion markers. *American Journal of Human Biology*, p. n/a-n/a, 2010.
- RIBEIRO-DOS-SANTOS, Ândrea ; Khayat, André S. ; Silva, Artur ; Alencar, Dayse O. ; Lobato, Jessé ; Luz, Larissa ; Pinheiro, Daniel G. ; Varuzza, Leonardo ; Assumpção, Monica ; Assumpção, Paulo ; Santos, Sidney ; Zanette, Dalila L. ; Silva, Wilson A. ; Burbano, Rommel ; Darnet, Sylvain . Ultra-Deep Sequencing Reveals the microRNA Expression Pattern of the Human Stomach. *Plos One*, v. 5, p. e13205, 2010.
- Leite, Fabio P.N. ; Santos, Sidney E.B. ; Rodríguez, Elzemar M.R. ; Callegari-Jacques, Sidia M. ; Demarchi, Dario A. ; Tsuneto, Luiza T. ; Petzl-Erler, M. Luiza ; Salzano, Francisco M. ; Hutz, Mara H. ; SANTOS, S. E. B. . Linkage disequilibrium patterns and genetic structure of Amerindian and non-Amerindian Brazilian populations revealed by long-range X-STR markers. *American Journal of Physical Anthropology*, v. 139, p. 404-412, 2009.
- RODRIGUES, Elzemar Ribeiro ; SANTOS, N. P. C. dos ; SANTOS, Ândrea Kely Campos Ribeiro dos ; MARINHO, A. N. ; ZAGO, Marco Antônio ; GOMES, I. ; AMORIM, A. ; GUSMÃO, L. ; SANTOS, S. E. B. . An INDEL

polymorphism at the X-STR GATA172D05 flanking region. International Journal of Legal Medicine, v. 123, p. 89-94, 2009.

- RODRIGUES, Elzemar Martins R ; SANTOS, Ney Pereira Carneiro dos ; SANTOS, Ândrea Kely Campos Ribeiro dos ; PEREIRA, Rui (Rui Pereira) ; AMORIM, A. ; GUSMÃO, L. ; ZAGO, Marco Antonio ; SANTOS, S. E. B. . Assessing interethnic admixture using an X-linked insertion-deletion multiplex. American Journal of Human Biology, p. NA-NA, 2009.
- BARBOSA, Hivana Patricia Melo ; MARTINS, Luisa Caricio ; SANTOS, S. E. B. ; DEMACHKI, Samia ; ASSUMPÇÃO, Mônica Baraúna ; Aragão, Charliana Damasceno ; CORVELO, Tereza Cristina de Oliveira . Interleukin-1 and TNF - polymorphisms and Helicobacter pylori in a Brazilian Amazon population. World Journal of Gastroenterology, v. 15, p. 1465-1471, 2009.
- SANTOS, S. E. B. ; RODRIGUES, Elzemar Martins Ribeiro ; SANTOS, Ândrea Kely Campos Ribeiro dos ; HUTZ, M. ; TOVO, Rodrigues (Luciana) ; SALZANO, F. M. ; JACQUES, S. M. C. . Autosomal STR analyses in Native Amazonian tribes suggest a population structure driven by isolation by distance. Human Biology, v. 81, p. 71-88, 2009.

**Linhas de Pesquisas:** Genética Humana e Médica; Genética Populacional; Genética Animal; Genética Forense; Oncogenética; Farmacogenética

**Currículo Lattes:** <http://lattes.cnpq.br/9809924843125163>

---

**Nome:** Artur Luiz da Costa da Silva

**Titulação:** PhD

**Publicações:**

- Ciprandi, A. ; SILVA, W. M. ; Santos, Agenor V. ; Pimenta, Adriano MC ; CAREPO, Marta S P ; SCHNEIDER, M. P. C. ; AZEVEDO, V. ; SILVA, A. . Chromobacterium violaceum: Important Insights for Virulence and Biotechnological Potential by Exoproteomic Studies. Current Microbiology, v. 66, p. NE, 2013.

- Soares, Siomar C. ; Silva, Artur ; Trost, Eva ; BLOM, JOCHEN ; Ramos, Rommel ; Carneiro, Adriana ; Ali, Amjad ; Santos, Anderson R. ; Pinto, Anne C. ; DINIZ, CARLOS ; BARBOSA, EUDES G. V. ; Dorella, Fernanda A. ; ABURJAILE, FLÁVIA ; ROCHA, FLÁVIA S. ; NASCIMENTO, KARINA K. F. ; GUIMARÃES, LUÍS C. ; ALMEIDA, SINTIA ; HASSAN, SYED S. ; Bakhtiar, Syeda M. ; PEREIRA, ULISSES P. ; Abreu, Vinicius A. C. ; Schneider, Maria P. C. ; MIYOSHI, Anderson ; Tauch, Andreas ; Azevedo, Vasco . The Pan-Genome of the Animal Pathogen *Corynebacterium pseudotuberculosis* Reveals Differences in Genome Plasticity between the Biovar *ovis* and *equi* Strains. *Plos One*, v. 8, p. e53818, 2013.
- Castro, Thiago L. P. ; Seyffert, Nubia ; Ramos, Rommel T. J. ; Barbosa, Silvanira ; CARVALHO, RODRIGO D. O. ; Pinto, Anne Cybelle ; Carneiro, Adriana Ribeiro ; Silva, Wanderson Marques ; Pacheco, Luis G. C. ; DOWNSON, CHRISTOPHER ; Schneider, Maria P. C. ; MIYOSHI, Anderson ; Azevedo, Vasco ; Silva, Artur . Ion Torrent-based transcriptional assessment of a *Corynebacterium pseudotuberculosis equi* strain reveals denaturing high-performance liquid chromatography a promising rRNA depletion method. *Microbial Biotechnology (Online)*, v. n/a, p. n/a-n/a, 2013.
- MOREIRA-NUNES, CAROLINE FA ; AZEVEDO, TEREZA CB ; BELTRÃO, ANA CS ; FRANCÊS, LARISSA TVM ; SOUSA, RODRIGO GMA ; SILVA, ISRAEL T ; Silva, Artur ; Silva, Wilson A ; LEMOS, JOSÉ AR . Differentially expressed genes responsible for insensitivity of CD34+ cells to kinase inhibitors in patients with chronic myeloid leukemia. *BMC Proceedings*, v. 7, p. O1, 2013.
- LEÃO, SYLVIA CARDOSO ; MATSUMOTO, CRISTIANNE KAYOKO ; Carneiro, Adriana ; RAMOS, ROMMEL THIAGO ; NOGUEIRA, CHRISTIANE LOURENÇO ; JUNIOR, JAMES DALTRO LIMA ; LIMA, KARLA VALÉRIA ; LOPES, Maria Luiza ; SCHNEIDER, HORACIO ; AZEVEDO, VASCO ARISTON ; DA COSTA DA SILVA, ARTUR . The Detection and Sequencing of a Broad-Host-Range Conjugative IncP-1 $\beta$  Plasmid in an Epidemic Strain of *Mycobacterium abscessus* subsp. *bolletii*. *Plos One*, v. 8, p. e60746, 2013.

- ALVAREZ, M. C. ; SANTOS, J. C. ; MANIEZZO, N. ; LADEIRA, M. S. ; Silva, A.L.C. ; SCALETISKY, I. C. ; PEDRAZZOLI JR, J. ; RIBEIRO, M. L. . MGMT and MLH1 methylation in *Helicobacter pylori*-infected children and adults. *World Journal of Gastroenterology*, v. 1, p. 1, 2013.
- ALI, A. ; SOARES, S. C. ; Barbosa, Eudes ; SANTOS, A. R. ; BARH, D. ; BAKHTIAR, S. M. ; HASSAN, S. S. ; USSERY, D. W. ; SILVA, A. ; Miyoshi, Anderson ; AZEVEDO, V. . Microbial Comparative Genomics: An Overview of Tools and Insights Into The Genus *Corynebacterium*. *Journal of Bacteriology & Parasitology*, v. 4, p. 2-16, 2013.
- SILVA, W. M. ; Silva A ; AZEVEDO, V. . Identification of 11 new exoproteins in *Corynebacterium pseudotuberculosis* by comparative analysis of the exoproteome. *Microbial Pathogenesis*, v. 1, p. 1, 2013.
- Barh, Debmalya Gupta, Krishnakant Jain, Neha KHATRI, G. LEON-SICAIROS, N. CANIZALEZ-ROMAN, A. Tiwari, S. VERMA, A. RAHANGDALE, S. Hassan, Syed S. SANTOS, A. R. ALI, A. Guimarães, Luis C. RAMOS, R. T. J. DEVARAPALLI, P. BARVE, N. Bakhtiar, Syeda M. KUMAVATH, R. Ghosh, P. MIYOSHI, A. SILVA, A. Anil Kumar Misra, Amarendra Narayan BLUM, K. Baumbach, J. , et al. ; Conserved host pathogen PPIs Globally conserved inter-species bacterial PPIs based conserved host-pathogen interactome derived novel target in *C. pseudotuberculosis*, *C. diphtheriae*, *M. tuberculosis*, *C. ulcerans*, *Y. pestis*, and *E. coli* targeted by Piper betel compounds. *INTEGR BIOL-UK*, v. 1, p. 01-15-15, 2013.
- SILVA, WANDERSON M. ; SEYFFERT, Núbia ; Ciprandi, Alessandra ; Santos, Agenor V. ; Castro, Thiago L. P. ; Pacheco, Luis G. C. ; Barh, Debmalya ; LE LOIR, YVES ; PIMENTA, ADRIANO M. C. ; MIYOSHI, Anderson ; Silva, Artur ; Azevedo, Vasco . Differential Exoproteome Analysis of Two *Corynebacterium pseudotuberculosis* Biovar Ovis Strains Isolated from Goat (1002) and Sheep (C231). *Current Microbiology*, v. 1, p. 1, 2013.
- ASSIS DAS GRACAS, D. ; THIAGO JUCA RAMOS, R. ; VIEIRA ARAUJO, A. C. ; ZAHLOUTH, R. ; RIBEIRO CARNEIRO, A. ; SOUZA LOPES, T. ; AZEVEDO BARAUNA, R. ; AZEVEDO, V. ; CRUZ SCHNEIDER, M. P. ; pellizari, V. H. ; SILVA, A. . Complete Genome of a

*Methanosarcina mazei* Strain Isolated from Sediment Samples from an Amazonian Flooded Area. *Genome Announcements*, v. 1, p. e00271-13-e00271-13, 2013.

- RAMOS, R. T. J. ; SCHNEIDER, M. P. C. ; Azevedo, Vasco ; BARBOSA, M. S. ; Artur Silva . High efficiency application of a mate-paired library from Next-Generation Sequencing to PostLight sequencing: *Corynebacterium pseudotuberculosis* as a case study for microbial de novo genome assembly. *Journal of Microbiological Methods*, v. 94, p. NE, 2013.

- MARINHO ALMEIDA, D. ; DINI-ANDREOTE, F. ; CAMARGO NEVES, A. A. ; Juca Ramos, R. T. ; ANDREOTE, F. D. ; CARNEIRO, A. R. ; OLIVEIRA DE SOUZA LIMA, A. ; CARACCIOLO GOMES DE SA, P. H. ; RIBEIRO BARBOSA, M. S. ; ARAUJO, W. L. ; SILVA, A. . Draft Genome Sequence of *Methylobacterium mesophilicum* Strain SR1.6/6, Isolated from *Citrus sinensis*. *Genome Announcements*, v. 1, p. e00356-13-e00356-13, 2013.

- MARINOTTI, O. CERQUEIRA, G. C. DE ALMEIDA, L. G. P. Ferro, M. I. T. LORETO, E. L. D. S. ZAHA, A. Teixeira, S. M. R. WESPISER, A. R. ALMEIDA E SILVA, A. SCHLINDWEIN, A. D. PACHECO, A. C. L. DA SILVA, A. L. D. C. GRAVELEY, B. R. WALENZ, B. P. DE ARAUJO LIMA, B. RIBEIRO, C. A. G. NUNES-SILVA, C. G. DE CARVALHO, C. R. DE ALMEIDA SOARES, C. M. DE MENEZES, C. B. A. MATIOLLI, C. CAFFREY, D. ARAUJO, D. A. M. DE OLIVEIRA, D. M. GOLENBOCK, D. , et al. ; The Genome of *Anopheles darlingi*, the main neotropical malaria vector. *Nucleic Acids Research*, v. 41, p. 1, 2013.

- Ramos, Rommel T. J. ; Carneiro, Adriana Ribeiro ; Gomes de Sa, P. H. C. ; AZEVEDO, Vasco Ariston de Carvalho ; SCHNEIDER, M. P. C. ; BARH, D. ; Artur Silva . Graphical contig analyzer for all sequencing platforms (G4ALL): a new stand-alone tool for finishing and draft generation of bacterial genomes. *Bioinformation print*, v. 9, p. 599-604, 2013.

- Fiore, M. F. ; ALVARENGA, D. O. ; VARANI, A. M. ; HOFF-RISSETI, C. ; CRESPI, E. ; RAMOS, R. T. J. ; SILVA, A. ; SCHAKER, P. D. C. ; HECK, K. ; RIGONATO, J. ; Schneider, M. P. C. . Draft Genome Sequence of the Brazilian Toxic Bloom-Forming Cyanobacterium *Microcystis*

aeruginosa Strain SPC777. Genome Announcements, v. 1, p. e00547-13-e00547-13, 2013.

- Barh, Debmalya ; BARVE, NEHA ; Gupta, Krishnakant ; CHANDRA, SUDHA ; Jain, Neha ; Tiwari, Sandeep ; LEON-SICAIROS, NIDIA ; CANIZALEZ-ROMAN, ADRIAN ; RODRIGUES DOS SANTOS, ANDERSON ; HASSAN, SYED SHAH ; ALMEIDA, SÍNTIA ; THIAGO JUCÁ RAMOS, ROMMEL ; AUGUSTO CARVALHO DE ABREU, VINICIUS ; RIBEIRO CARNEIRO, ADRIANA ; de Castro Soares, Siomar ; LUIZ DE PAULA CASTRO, THIAGO ; Miyoshi, Anderson ; Silva, Artur ; Kumar, Anil ; NARAYAN MISRA, AMARENDRA ; BLUM, KENNETH ; BRAVERMAN, ERIC R. ; Azevedo, Vasco . Exoproteome and Secretome Derived Broad Spectrum Novel Drug and Vaccine Candidates in *Vibrio cholerae* Targeted by Piper betel Derived Compounds. Plos One, v. 8, p. e52773, 2013.

- Santos, A.R. ; BARBOSA, E. ; FIAUX, K. ; ZURITA-TURK, M. ; CHAITANKAR, V. ; KAMAPANTULA, B. ; ABDELZAHER, A. ; Ghosh, P. ; Tiwari, S. ; BARVE, N. ; Jain, N. ; BARH, D. ; SILVA, A. ; MIYOSHI, A. ; AZEVEDO, V. . PANNOTATOR: an automated tool for annotation of pan-genomes. Genetics and Molecular Research, v. 12, p. 2982-2989, 2013.

- PEREIRA, ULISSES DE PÁDUA ; RODRIGUES DOS SANTOS, ANDERSON ; HASSAN, SYED SHAH ; ABURJAILE, FLÁVIA FIGUEIRA ; SOARES, SIOMAR DE CASTRO ; Ramos, Rommel Thiago Jucá ; Carneiro, Adriana Ribeiro ; Guimarães, Luís Carlos ; SILVA DE ALMEIDA, SINTIA ; DINIZ, CARLOS AUGUSTO ALMEIDA ; BARBOSA, Maria Silvanira ; GOMES DE SÁ, PABLO ; Ali, Amjad ; BAKHTIAR, SYEDA MARRIAM ; DORELLA, FERNANDA ALVES ; Zerlotini, Adhemar ; ARAÚJO, FLÁVIO MARCOS GOMES ; LEITE, LAURA RABELO ; OLIVEIRA, GUILHERME ; MIYOSHI, Anderson ; Silva, Artur ; Azevedo, Vasco ; FIGUEIREDO, HENRIQUE CÉSAR PEREIRA . Complete genome sequence of *Streptococcus agalactiae* strain SA20-06, a fish pathogen associated to meningoencephalitis outbreaks. STAND GENOMIC SCI, v. 8, p. 188-197, 2013.

- RAMOS, R. T. J. ; Carneiro, Adriana C. ; AZEVEDO, V. ; Schneider, M. P. C. ; Barh, D. ; SILVA, A . Simplifier: a web tool to eliminate redundant NGS contigs. *Bioinformation print*, v. 8, p. 996-999, 2012.
- Hassan, S. S. ; AZEVEDO, Vasco Ariston de ; Silva, Artur . Whole-Genome Sequence of *Corynebacterium pseudotuberculosis* Strain Cp162, Isolated from Camel. *Journal of Bacteriology (Print)*, v. 194, p. 5718-5719, 2012.
- Pethick, F. E. Lainson, A. F. Yaga, R. Flockhart, A. Smith, D. G. E. Donachie, W. Cerdeira, L. T. SILVA, A. Bol, E. Lopes, T. S. Barbosa, M. S. PINTO, A. C. dos Santos, A. R. Soares, S. C. ALMEIDA, S. S. GUIMARAES, L. C. ABURJAILE, F. F. ABREU, V. A. C. Ribeiro, D. Fiaux, Karina K. Fiaux, K. K. Diniz, C. A. A. Barbosa, E. G. V. Pereira, U. P. Hassan, S. S. , et al. ; Complete Genome Sequences of *Corynebacterium pseudotuberculosis* Strains 3/99-5 and 42/02-A, Isolated from Sheep in Scotland and Australia, Respectively. *Journal of Bacteriology (Print)*, v. 194, p. 4736-4737, 2012.
- Lopes, T. SILVA, A. Thiago, R. CARNEIRO, A. R. Dorella, F. A. Rocha, F. S. dos Santos, A. R. Lima, A. R. J. Guimaraes, L. C. Barbosa, E. G. V. Ribeiro, D. Fiaux, K. K. Diniz, C. A. A. de Abreu, V. A. C. de Almeida, S. S. Hassan, S. S. Ali, A. Bakhtiar, S. M. Aburjaile, F. F. Pinto, A. C. Soares, S. d. C. Pereira, U. d. P. Schneider, M. P. C. Miyoshi, A. Edman, J. , et al. ; Complete Genome Sequence of *Corynebacterium pseudotuberculosis* Strain Cp267, Isolated from a Llama. *Journal of Bacteriology (Print)*, v. 194, p. 3567-3568, 2012.
- Pethick, F. E. Lainson, A. F. Yaga, R. Flockhart, A. Smith, D. G. E. Donachie, W. Cerdeira, L. T. SILVA, A. Bol, E. Bol, E. Lopes, T. S. Barbosa, M. S. Pinto, A. C. dos Santos, A. R. Soares, S. C. Almeida, S. S. Guimaraes, L. C. Aburjaile, F. F. Abreu, V. A. C. Ribeiro, D. Fiaux, K. K. Diniz, C. A. A. Barbosa, E. G. V. Pereira, U. P. Hassan, S. S. , et al. ; Complete Genome Sequence of *Corynebacterium pseudotuberculosis* Strain 1/06-A, Isolated from a Horse in North America. *Journal of Bacteriology (Print)*, v. 194, p. 4476-4476, 2012.

- Lima, Jakelyne ; Cerdeira, Louise Teixeira ; Bol, Erick ; Schneider, Maria Paula Cruz ; SILVA, A. ; AZEVEDO, V. ; Azevedo, Vasco ; Abelém, Antônio Jorge Gomes . A Scheduling Algorithm for Computational Grids that Minimizes Centralized Processing in Genome Assembly of Next-Generation Sequencing Data. *Frontiers in Genetics*, v. 3, p. 1-7, 2012.
- Carneiro, Adriana R. ; Ramos, Rommel Thiago Jucá ; Barbosa, Hivana Patricia Melo ; Schneider, Maria Paula C. ; Barh, Debmalya ; AZEVEDO, V. ; Azevedo, Vasco ; SILVA, A. . Quality of prokaryote genomes assembly: Indispensable issues of factors affecting prokaryote genome assembly quality. *Gene (Amsterdam)*, v. 1, p. 1-2, 2012.
- CASSEB, S. ; CARDOSO, J. ; RAMOS, R. T. J ; CARNEIRO, A. R. ; NUNES, M. ; VASCONCELOS, P. ; SILVA, A . Optimization of dengue virus genome assembling using GSFLX 454 pyrosequencing data: evaluation of assembling strategies. *Genetics and Molecular Research*, v. 11, p. 1, 2012.
- Gordo, Sheila M C ; Pinheiro, Daniel G ; Moreira, Edith CO ; Rodrigues, Simone M ; Poltronieri, Marli C ; De Lemos, Oriel F ; da Silva, Israel Tojal ; Ramos, Rommel TJ ; Silva, Artur ; SCHNEIDER, HORACIO ; Silva, Wilson A ; Sampaio, Iracilda ; Darnet, Sylvain . High-throughput sequencing of black pepper root transcriptome. *BMC Plant Biology (Online)*, v. 12, p. 168, 2012.
- SILVA, A. ; AZEVEDO, Vasco Ariston de Carvalho . Genome Sequence of the *Corynebacterium pseudotuberculosis* Cp316 Strain, Isolated from the Abscess of a Californian Horse. *Journal of Bacteriology (Print)*, v. 194, p. 6620-6621, 2012.
- Carneiro, A. R. ; SILVA, A . Genome Sequence of *Exiguobacterium antarcticum* B7, Isolated from a Biofilm in Ginger Lake, King George Island, Antarctica. *Journal of Bacteriology (Print)*, v. 194, p. 6689-6690, 2012.
- Ali, Amjad ; Soares, Siomar C. ; Santos, Anderson R. ; Guimarães, Luis C. ; Barbosa, Eudes ; Almeida, Sintia S. ; ABREU, VINÍCIUS A.C. ; Carneiro, Adriana R. ; RAMOS, ROMMEL T.J. ; BAKHTIAR, SYEDA M. ; HASSAN, SYED S. ; USSERY, DAVID W. ; ON, STEPHEN ; Silva, Artur ; SCHNEIDER, MARIA P. ; LAGE, ANDREY P. ; MIYOSHI, Anderson ; Azevedo, Vasco . *Campylobacter fetus* subspecies: Comparative genomics



and prediction of potential virulence targets. *Gene* (Amsterdam), v. 508, p. 145-156, 2012.

- Soares, Siomar C. ; Trost, Eva ; RAMOS, ROMMEL T.J. ; Carneiro, Adriana R. ; Santos, Anderson R. ; Pinto, Anne C. ; Barbosa, Eudes ; ABURJAILE, FLÁVIA ; Ali, Amjad ; DINIZ, CARLOS A.A. ; HASSAN, SYED S. ; FIAUX, KARINA ; Guimarães, Luis C. ; BAKHTIAR, SYEDA M. ; PEREIRA, ULISSES ; Almeida, Sintia S. ; ABREU, VINÍCIUS A.C. ; ROCHA, FLÁVIA S. ; Dorella, Fernanda A. ; MIYOSHI, Anderson ; Silva, Artur ; Azevedo, Vasco ; Tauch, Andreas . Genome sequence of *Corynebacterium pseudotuberculosis* biovar equi strain 258 and prediction of antigenic targets to improve biotechnological vaccine production. *Journal of Biotechnology*, v. 164, p. 5, 2012.
- Santos, Anderson R ; Carneiro, Adriana ; GALA-GARCÍA, ALFONSO ; Pinto, Anne ; Barh, Debmalya ; Barbosa, Eudes ; ABURJAILE, FLÁVIA ; Dorella, Fernanda ; ROCHA, FLÁVIA ; GUIMARÃES, LUIS ; ZURITA-TURK, MERITXELL ; Ramos, Rommel ; ALMEIDA, SINTIA ; SOARES, SIOMAR ; PEREIRA, ULISSES ; ABREU, VINÍCIUS C ; Silva, Artur ; MIYOSHI, Anderson ; Azevedo, Vasco . The *Corynebacterium pseudotuberculosis* in silico predicted pan-exoproteome. *BMC Genomics*, v. 13, p. S6, 2012.
- GRACAS, D. A. ; BARAÚNA, R. A. ; MIRANDA, P. R. O. ; Silva, Artur . Changes in Microbial Communities along a Water Column in an Amazonian Flooded Area. *Aquatic Science and Technology*, v. 1, p. 1-2, 2012.
- PUREZA, LEIDE MS ; GRAÇAS, DIEGO A ; GONÇALVES, EVONNILDO C ; CORREA, JOSÉ AM ; Silva, Artur ; Schneider, Maria PC . Bacterial Diversity in an Amazonian Mangrove Ecosystem. *Aquatic Science and Technology*, v. 1, p. 66-85, 2012.
- Miranda, Paulo R. ; Baraúna, Rafael A. ; GRAÇAS, DIEGO A ; GHILARDI JR., RUBENS ; BARBOSA, Maria Silvanira ; Schneider, Maria P. C. ; Silva, Artur . Prokaryotic Diversity of the Tucuruí Hydropower Plant Reservoir in the Brazilian Amazon. *Aquatic Science and Technology*, v. 1, p. 1, 2012.
- Ramos, Rommel Thiago Jucá ; Carneiro, Adriana Ribeiro ; SOARES, SIOMAR DE CASTRO ; SANTOS, ANDERSON RODRIGUES DOS ;

ALMEIDA, SINTIA ; GUIMARÃES, LUIS ; FIGUEIRA, FLÁVIA ; Barbosa, Eudes ; Tauch, Andreas ; Azevedo, Vasco ; Silva, Artur . Tips and tricks for the assembly of a *Corynebacterium pseudotuberculosis* genome using a semiconductor sequencer. *Microbial Biotechnology* (Online), v. n/a, p. n/a-n/a, 2012.

- Hassan, S. S. ; SILVA, A. ; GUIMARÃES, L. C. ; Pereira U. ; Bakhtiar, Syeda M. ; Carneiro, Adriana Ribeiro ; Ramos, R. T. J. ; Ramos, R. T. J. ; AZEVEDO, V. . Complete genome sequence of *Corynebacterium pseudotuberculosis* biovar ovis strain P54B96 isolated from antelope in South Africa obtained by rapid next generation sequencing technology. *STAND GENOMIC SCI*, v. 7, p. 189-199, 2012.

- Barh, D. ; SANTOS, A. R. ; GUIMARÃES, L. C. ; RAMOS, R. T. J. ; Ramos, R. T. J. ; SILVA, A. ; AZEVEDO, V. . Globally conserved inter-species bacterial PPIs based conserved host pathogen interactome in *C. pseudotuberculosis*, *C. diphtheriae*, *M. tuberculosis*, and *Y. pestis*: implementation in broad spectrum drug target identification. *INTEGR BIOL-UK*, v. 1, p. 1, 2012.

- AZEVEDO, V. ; SILVA, A. ; RAMOS, R. T. J. ; Carneiro, A. ; PINTO, A. C. ; SOARES, S. C. ; Santos, A. R. ; de Almeida, S. S. ; GUIMARAES, L. C. ; ABURJAILE, F. F. ; Barbosa, Eudes ; Dorella, F. A. ; Rocha, F. S. ; LOPES, Thiago ; KAWASAK, R. ; Sá, P. G. ; COIMBRA, Nilson. A. ; CERDEIRA, L. ; Barbosa, Silvanira ; Schneider, Maria P ; MIYOSHI, A ; SELIM, S. ; MOAWAD, M. ; AZEVEDO, V . Complete Genome Sequence of *Corynebacterium pseudotuberculosis* Cp31, Isolated from an Egyptian Buffalo. *Journal of Bacteriology* (Print), v. 194, p. 6663-6664, 2012.

- SÁ, P. H. C. G. ; Sá, Pablo de ; PINTO, A. C. ; RAMOS, R. T. J. ; BARAÚNA, R. A ; MELO, H. P. B. ; Carneiro, Adriana Ribeiro ; AZEVEDO, V. ; SCHNEIDER, Maria Paula Cruz ; BARH, D. ; SILVA, A. ; Ramos, Rommel Thiago Jucá ; Ranieri, Alex ; Coimbra, Nilson ; Pinto, Anne ; Barh, Debmalya ; Azevedo, Vasco ; Valadares, Agenor ; Dall'Agnol, Hivana ; Baraúna, Rafael ; SCHNEIDER, Maria Paula ; Carneiro, Adriana ; Silva, Artur . FunSys: Software for functional analysis of prokaryotic transcriptome and proteome. *Bioinformation print*, v. 8, p. 529-531, 2012.

- TROST, E. ; Santos, C. S. ; Sabbadini, P. S. ; Schmitt, M. P. ; Hirata, R. ; Ton-That, H. ; Al-Dilaimi, A. ; Blom, J. ; de Castro Soares, S. ; Dorella, F. A. ; MIYOSHI, A. ; Efstratiou, A. ; TAUCH, A. ; ROCHA, F. S. ; AZEVEDO, V. ; Camello, T. C. ; Schroder, J. ; SILVA, A. ; Huang, I.-H. ; Jaenicke, S. ; Santos, L. S. ; Schneider, M. P. ; MATTOS-GUARALDI, A. L. . Pan-genomics of *Corynebacterium diphtheriae*: Insights into the genomic diversity of pathogenic isolates from cases of classical diphtheria, endocarditis and pneumonia. *Journal of Bacteriology* (Print), v. 194, p. NA, 2012.
- Soares, Siomar C. ; Abreu, Vinícius A. C. ; Ramos, Rommel T. J. ; Cerdeira, Louise ; Silva, Artur ; Baumbach, Jan ; Trost, Eva ; Tauch, Andreas ; Hirata, Raphael ; Mattos-Guaraldi, Ana L. ; MIYOSHI, Anderson ; Azevedo, Vasco . PIPS: Pathogenicity Island Prediction Software. *Plos One*, v. 7, p. e30848, 2012.
- Santana, Priscila Bessa ; Silva, Artur da Costa da ; McCulloch, John Anthony ; Alves, Claudio Nahum ; SCHNEIDER, Maria Paula Cruz ; SILVA, Jeronimo Lameira ; Ghilardi Junior, Rubens . Diversity and three-dimensional structures of the alpha Mcr of the methanogenic Archaea from the anoxic region of Tucuruí Lake, in Eastern Brazilian Amazonia. *Genetics and Molecular Biology* (Impresso), v. 35, p. 126-133, 2012.
- Guimarães, Luis C. ; Lameira, Jerônimo ; Silva, Artur ; MIYOSHI, Anderson ; Brasil, Davi S.B. ; Schneider, Maria P.C. ; Alves, Cláudio N. ; Azevedo, Vasco ; Silva, Natália F. . Structure modeling of a metalloendopeptidase from *Corynebacterium pseudotuberculosis*. *Computers in Biology and Medicine*, v. 42, p. 538-541, 2012.
- DALL'AGNOL, L. T. ; Mcculloch, J. A. ; Ghilardi-Junior, R. ; SILVA, A. ; Schneider, M. P. C. ; SCHNEIDER, H. . Phylogenetic and gene trees of *Synechococcus*: choice of the right marker to evaluate the population diversity in the Tucuruí Hydroelectric Power Station Reservoir in Brazilian Amazonia. *Journal of Plankton Research*, v. 34, p. 245-257, 2012.
- Pinto, Anne Cybelle ; Ramos, Rommel T. J. ; Silva, Wanderson Marques ; Rocha, Flávia Souza ; Barbosa, Silvanira ; MIYOSHI, Anderson ; Schneider, Maria P. C. ; Silva, Artur ; Azevedo, Vasco . The core stimulon of

*Corynebacterium pseudotuberculosis* strain 1002 identified using ab initio methodologies. INTEGR BIOL-UK, v. 4, p. 789, 2012.

- Silva, Artur ; Ciprandi, Alessandra ; Baraúna, Rafael Azevedo ; Santos, Agenor Valadares ; GONÇALVES, Evonnildo Costa ; Carepo, Marta Sofia Peixe ; SCHNEIDER, Maria Paula Cruz . Proteomic Response to Arsenic Stress in *Chromobacterium violaceum*. Journal of Integrated OMICS, v. 2, p. 69-73, 2012.

- D'Afonseca, V ; SOARES, S. C. ; SOARES, S. C. ; ALI, A. ; SANTOS, A. R. ; PINTO, A. C. ; Magalhães, A. ; FARIA, C. J. ; Barbosa, E. G. V. ; GUIMARAES, L. C. ; ALMEIDA, S. S. ; ABREU, V. A. C. ; Zerlotini, Adhemar ; CARNEIRO, A. R. ; Cerdeira, L. T. ; RAMOS, R. T. J. ; Hirata Jr., R. ; Mattos-Guaraldi, A. L. ; TROST, E. ; TAUCH, A. ; SILVA, A. ; SCHNEIDER, M. P. C. ; MIYOSHI, A. ; AZEVEDO, V. . Reannotation of the *Corynebacterium diphtheriae* NCTC13129 genome as a new approach to studying gene targets connected to virulence and pathogenicity in diphtheria. Open Access Bioinformatics, v. 2012, p. 1, 2012.

- Barh, Debmalya ; Jain, Neha ; Tiwari, Sandeep ; D Afonseca, Vivian ; Li, Liwei ; Ali, Amjad ; Santos, Anderson Rodrigues ; Guimarães, Luís Carlos ; de Castro Soares, Siomar ; Miyoshi, Anderson ; Bhattacharjee, Atanu ; Misra, Amarendra Narayan ; Silva, Artur ; Kumar, Anil ; Azevedo, Vasco . A novel comparative genomics analysis for common drug and vaccine targets in *Corynebacterium pseudotuberculosis* and other CMN group of human pathogens. Chemical Biology & Drug Design (Print), p. no-no, 2011.

- Perelman, Polina ; Johnson, Warren E. ; Roos, Christian ; Seuánez, Hector N. ; Horvath, Julie E. ; Moreira, Miguel A. M. ; Kessing, Bailey ; Pontius, Joan ; Roelke, Melody ; Rumpler, Yves ; Schneider, Maria Paula C. ; Silva, Artur ; O'Brien, Stephen J. ; Pecon-Slattey, Jill . A Molecular Phylogeny of Living Primates. PLOS Genetics (Online), v. 7, p. e1001342, 2011.

- Graças, Diego A. ; Miranda, Paulo R. ; Baraúna, Rafael A. ; McCulloch, John A. ; Ghilardi, Rubens ; Schneider, Maria Paula C. ; Silva, Artur . Microbial Diversity of an Anoxic Zone of a Hydroelectric Power Station Reservoir in Brazilian Amazonia. Microbial Ecology, v. NE, p. NE, 2011.

- Trost, Eva ; Al-Dilaimi, Arwa ; Papavasiliou, Panagiotis ; Schneider, Jessica ; Viehoveer, Prisca ; Burkovski, Andreas ; Soares, Siomar C ; Almeida, Sintia S ; Dorella, Fernanda A ; Miyoshi, Anderson ; Azevedo, Vasco ; Schneider, Maria P ; Silva, Artur ; Santos, Cintia S ; Santos, Louisy S ; Sabbadini, Priscila ; Dias, Alexandre A ; Hirata, Raphael ; Mattos-Guaraldi, Ana L ; Tauch, Andreas . Comparative analysis of two complete *Corynebacterium ulcerans* genomes and detection of candidate virulence factors. BMC Genomics, v. 12, p. 383, 2011.
- Santos, Anderson R ; Santos, Marcos A ; Baumbach, Jan ; McCulloch, John A ; Oliveira, Guilherme C ; Silva, Artur ; Miyoshi, Anderson ; Azevedo, Vasco . A singular value decomposition approach for improved taxonomic classification of biological sequences. BMC Genomics, v. 12, p. S11, 2011.
- Arruda, Maurício P. ; Morielle-Versute, Eliana ; Silva, Artur ; Schneider, Maria Paula C. ; GONÇALVES, EVONNILDO C. . Contemporary gene flow and weak genetic structuring in Rococo toad (*Rhinella schneideri*) populations in habitats fragmented by agricultural activities. Amphibia-Reptilia, v. 32, p. 399-411, 2011.
- Cerdeira, Louise Teixeira ; CARNEIRO, A. R. ; Carneiro, Adriana Ribeiro ; Ramos, Rommel Thiago Jucá ; de Almeida, Sintia Silva ; D'Afonseca, Vivian ; Schneider, Maria Paula Cruz ; Baumbach, Jan ; Tauch, Andreas ; McCulloch, John Anthony ; Azevedo, Vasco Ariston Carvalho ; SILVA, A. . Rapid hybrid de novo assembly of a microbial genome using only short reads: *Corynebacterium pseudotuberculosis* I19 as a case study. Journal of Microbiological Methods, p. xxx-xxx, 2011.
- Ramos, Rommel TJ ; CARNEIRO, A. R. ; Carneiro, Adriana R ; Baumbach, Jan ; Azevedo, Vasco ; Schneider, Maria PC ; SILVA, A. . Analysis of quality raw data of second generation sequencers with Quality Assessment Software. BMC Research Notes, v. 4, p. 130, 2011.
- STYNEN, A. P. R. LAGE, A. P. Moore, R. J. REZENDE, A. M. de Resende, V. D. d. S. Ruy, P. d. C. Daher, N. Resende, D. d. M. de Almeida, S. S. Soares, S. d. C. de Abreu, V. A. C. Rocha, A. A. C. M. Santos, A.R. dos Santos, A. R. Barbosa, E. G. V. Costa, D. F. Dorella, F. A. MIYOSHI, A. de Lima, A. R. J. Campos, F. D. d. S. de Sa, P. G. LOPES, T. S. Rodrigues,

R. M. A. Carneiro, A. R. LEO, T. , et al. ; Complete Genome Sequence of Type Strain *Campylobacter fetus* subsp. *venerealis* NCTC 10354T. *Journal of Bacteriology* (Print), v. 193, p. 5871-5872, 2011.

- Cerdeira, L. T. PINTO, A. C. Pinto, A. C. SCHNEIDER, M. P. C. de Almeida, S. S. dos Santos, A. R. Barbosa, E. G. V. Ali, A. Barbosa, M. S. Carneiro, A. R. RAMOS, R. T. J. de Oliveira, R. S. Barh, D. Barve, N. Zambare, V. Belchior, S. E. Guimaraes, L. C. de Castro Soares, S. Dorella, F. A. Rocha, F. S. de Abreu, V. A. C. Tauch, A. Trost, E. MIYOSHI, A. AZEVEDO, V. , et al. ; Whole-Genome Sequence of *Corynebacterium pseudotuberculosis* PAT10 Strain Isolated from Sheep in Patagonia, Argentina. *Journal of Bacteriology* (Print), v. 193, p. 6420-6421, 2011.

- SANTOS, A. R. ; Ali, A ; BARBOSA, E. G. V. ; SILVA, A. ; Miyoshi, A ; ZEVEDO, V. . The Reverse Vaccinology A Contextual Overview. *The IIOAB Journal*, v. 2, p. 8-15, 2011.

- Soares, S.C ; Rocha, Aryanne A. M. C. ; BARBOSA, E. G. V. ; ABURJAILE, F. F. ; GUIMARAES, L. C. ; Almeida, S.S ; MIYOSHI, A. ; Azevedo, V ; SILVA, A. ; Ramos, R.T.J ; Carneiro., A. R. ; CERDEIRA, L. ; Cerdeira, L. ; Ali, Amjad ; SANTOS, A. ; Abreu, Vinicius A. C. ; Pinto, A.C . Plasticidade genômica e evolução bacteriana. *Microbiologia in Foco*, v. 4, p. 31-38, 2011.

- Ruller, Roberto ; Silva-Rocha, Rafael ; SILVA, A. ; SCHNEIDER, Maria Paula Cruz ; Schneider, Maria Paula C. ; Ward, Richard John . A practical teaching course in directed protein evolution using the green fluorescent protein as a model. *Biochemistry and Molecular Biology Education*, v. 39, p. 21-27, 2011.

- Ruiz, Jerônimo C. D& SILVA, A. Ali, Amjad Pinto, Anne C. Santos, Anderson R. Rocha, Aryanne A. M. C. Lopes, Débora O. Dorella, Fernanda A. Pacheco, Luis G. C. Costa, Marcília P. Turk, Meritxell Z. Seyffert, Núbia Moraes, Pablo M. R. O. Soares, Siomar C. Almeida, Sintia S. Castro, Thiago L. P. Abreu, Vinicius A. C. Trost, Eva Baumbach, Jan Tauch, Andreas SCHNEIDER, Maria Paula Cruz Schneider, Maria Paula C. McCulloch, John Cerdeira, Louise T. , et al. ; Evidence for Reductive Genome Evolution and

Lateral Acquisition of Virulence Functions in Two *Corynebacterium pseudotuberculosis* Strains. *Plos One*, v. 6, p. e18551, 2011.

- Baraúna, Rafael A. ; Ciprandi, Alessandra ; Santos, Agenor V. ; Carepo, Marta S.P. ; GONÇALVES, EVONNILDO C. ; SCHNEIDER, Maria Paula Cruz ; Schneider, Maria P.C. ; SILVA, A. . Proteomics Analysis of the Effects of Cyanate on *Chromobacterium violaceum* Metabolism. *Genes*, v. 2, p. 736-747, 2011.

- CERDEIRA, L. T. SCHNEIDER, M. P. C. Pinto, A. C. de Almeida, S. S. dos Santos, A. R. BARBOSA, E. G. V. ALI, A. ABURJAILE, F. F. de Abreu, V. A. C. GUIMARAES, L. C. Soares, S. d. C. DORELLA, F. A. ROCHA, F. S. BOL, E. Gomes de Sa, P. H. C. LOPES, T. S. Barbosa, M. S. BARBOSA, M. S. R. CARNEIRO, A. R. Juca Ramos, R. T. Coimbra, N. A. d. R. LIMA, A. R. J. BARH, D. JAIN, N. TIWARI, S. , et al. ; Complete Genome Sequence of *Corynebacterium pseudotuberculosis* Strain CIP 52.97, Isolated from a Horse in Kenya. *Journal of Bacteriology* (Print), v. 193, p. 7025-7026, 2011.

- Pacheco, Luis GC ; Slade, Susan E ; Seyffert, Nubia ; Santos, Anderson R ; Castro, Thiago LP ; Silva, Wanderson M ; Santos, Agenor V ; Santos, Simone G ; Farias, Luiz M ; Carvalho, Maria AR ; Pimenta, Adriano MC ; Meyer, Roberto ; SILVA, A. ; Scrivens, James H ; Oliveira, Sergio C ; Miyoshi, Anderson ; Dowson, Christopher G ; AZEVEDO, V. ; Azevedo, Vasco . A combined approach for comparative exoproteome analysis of *Corynebacterium pseudotuberculosis*. *BMC Microbiology* (Online), v. 11, p. 12, 2011.

- Moraes, Gleiciane ; AZEVEDO, V. ; Azevedo, Vasco ; Costa, Marcília ; Miyoshi, Anderson ; SILVA, A. ; Silva, Vivian ; Oliveira, Diana ; Teixeira, Maria Fátima ; Lameira, Jerônimo ; Alves, Cláudio Nahum . Homology modeling, molecular dynamics and QM/MM study of the regulatory protein PhoP from *Corynebacterium pseudotuberculosis*. *Journal of Molecular Modeling*, p. 1-1, 2011.

- Pinto, A.C. ; Melo-Barbosa, H.P. ; MIYOSHI, A. ; SILVA, A. ; AZEVEDO, V. ; AZEVEDO, V. . Review Application of RNA-seq to reveal the transcript profile in bacteria. *Genetics and Molecular Research*, v. 10, p. 1707-1718, 2011.

- Pérez Chaparro, Paula Juliana ; McCulloch, John Anthony ; Cerdeira, Louise Teixeira ; Al-Dilaimi, Arwa ; Canto de Sá, Lena Lillian ; de Oliveira, Rodrigo ; Tauch, Andreas ; AZEVEDO, V. ; Azevedo, Vasco Ariston Carvalho ; SCHNEIDER, M. P. C. ; SILVA, A. . Whole genome sequencing of environmental *Vibrio cholerae* O1 from 10 nanograms of DNA using short reads. *Journal of Microbiological Methods*, v. 1, p. 1-5, 2011.
- SEYFFERT, Núbia ; PACHECO, LUIS G.C. ; SILVA, WANDERSON M. ; CASTRO, THIAGO L.P. ; Santos, Anderson ; McCulloch, John A. ; RODRIGUES, MAIRA R. ; SANTOS, SIMONE G. ; FARIAS, LUIZ M. ; CARVALHO, MARIA A.R. ; PIMENTA, ADRIANO M.C. ; Silva, Artur ; Meyer, Roberto ; MIYOSHI, Anderson ; Azevedo, Vasco . Serological secretome analysis of *Corynebacterium pseudotuberculosis*. *Journal of Integrated OMICS*, v. 1, p. 193-197, 2011.
- SEYFFERT, N. ; PACHECO, L. G. C. ; SILVA, W. M. ; CASTRO, T. L. P. ; Santos, Agenor V. ; Santos, Anderson Rodrigues ; Santos, anderson rodrigues ; McCulloch, J. A. ; Santos, Simone G. ; Farias, Luiz M ; Carvalho, Maria A.R. ; Pimenta, Adriano M.C. ; SILVA, A. ; Meyer, Roberto ; MIYOSHI, A. ; AZEVEDO, V. ; AZEVEDO, V . Preliminary serological secretome analysis of *Corynebacterium pseudotuberculosis*. *Journal of Integrated OMICS*, v. 00, p. 1001001-1001005, 2011.
- Trost, Eva ; Ott, Lisa ; Schneider, Jessica ; Schröder, Jasmin ; Jaenicke, Sebastian ; Goesmann, Alexander ; Husemann, Peter ; Stoye, Jens ; Dorella, Fernanda ; Rocha, Flavia ; de Castro Soares, Siomar ; D'Afonseca, Vívian ; Miyoshi, Anderson ; Ruiz, Jeronimo ; Silva, Artur ; Azevedo, Vasco ; Burkovski, Andreas ; Guiso, Nicole ; Join-Lambert, Olivier F ; Kayal, Samer ; Tauch, Andreas . The complete genome sequence of *Corynebacterium pseudotuberculosis* FRC41 isolated from a 12-year-old girl with necrotizing lymphadenitis reveals insights into gene-regulatory networks contributing to virulence. *BMC Genomics*, v. 11, p. 728, 2010.
- Ribeiro-dos-Santos, Ândrea ; Khayat, André S. ; Silva, Artur ; Alencar, Dayse O. ; Lobato, Jessé ; Luz, Larissa ; Pinheiro, Daniel G. ; Varuzza, Leonardo ; Assumpção, Monica ; Assumpção, Paulo ; Santos, Sidney ; Zanette, Dalila L. ; Silva, Wilson A. ; Burbano, Rommel ; Darnet, Sylvain .



Ultra-Deep Sequencing Reveals the microRNA Expression Pattern of the Human Stomach. Plos One, v. 5, p. e13205, 2010.

- Barile KA ; SILVA, A. ; Xavier JN ; Assumpção MB ; CORVELO, Tereza Cristina de Oliveira . Characterization of 23S rRNA domain V mutations in gastric biopsy patients from the eastern Amazon. Memórias do Instituto Oswaldo Cruz (Impresso), v. 105, p. 20512246, 2010.

- Bastos, Heitor B. ; GONÇALVES, EVONNILDO C. ; Ferrari, Stephen F. ; Silva, Artur ; Schneider, Maria Paula C. . Genetic structure of red-handed howler monkey populations in the fragmented landscape of Eastern Brazilian Amazonia. Genetics and Molecular Biology (Impresso), v. 33, p. 774-780, 2010.

- SILVA, J.R.A. ; LAMEIRA, J. ; Santana, P. P. B. ; SILVA, A. ; SCHNEIDER, M. P. C. ; ALVES, C. N. ; ALVES, C. N. . Homology Modeling and Molecular Dynamics Simulation of an Alpha Methyl Coenzyme M Reductase From Methanogenic Archea. International Journal of Quantum Chemistry, v. 110, p. 2067-2075, 2010.

- Maurício P. Arruda ; GONÇALVES, Evonnildo C. ; SILVA, A. ; Schneider, Maria Paula C. ; Morielle-Versute, Eliana . Development of eleven polymorphic microsatellite markers for the Chaco Treefrog, *Hypsiboas raniceps*. Conservation Genetics Resources (Print), v. 2, p. 93-96, 2010.

- GONÇALVES, Evonnildo C. ; Ferrari, Stephen F. ; Burlamaqui, Tibério César T. ; Miranda, Leonardo ; Santos, Marcelo S. ; SILVA, A. ; Schneider, Maria Paula C. . Genetic diversity and differentiation of three Brazilian populations of Scarlet ibis (*Eudocimus ruber*). Journal für Ornithologie, v. 151, p. 797-803, 2010.

- Arruda, Maurício P. ; MORIELLE-VERSUTE, E. ; Morielle-Versute, Eliana ; SILVA, A. ; Schneider, Maria Paula Cruz ; Gonçalves, Evonnildo C. . Twelve polymorphic microsatellite loci developed and optimized from the *Leptodactylus chaquensis*. Conservation Genetics Resources (Print), v. 2, p. 155-158, 2010.

- Arruda, Maurício Papa ; GONÇALVES, Evonnildo Costa ; SCHNEIDER, Maria Paula Cruz ; SCHNEIDER, Maria Paula Cruz ; SILVA,

A. ; Morielle-Versute, Eliana . An alternative genotyping method using dye-labeled universal primer to reduce unspecific amplifications. *Molecular Biology Reports*, v. 37, p. 2031-2036, 2010.

- SILVA, A. ; SCHNEIDER, M. P. C. ; CERDEIRA, L. ; Barbosa, M. S. ; RAMOS, R. T. J. ; CARNEIRO, A. R. ; Santos, R. ; Lima, M. ; D'Afonseca, V. ; ALMEIDA, S. S. ; SANTOS, A. R. ; SOARES, S. C. ; Soares, S. C. ; PINTO, A. C. ; ALI, A. ; DORELLA, F. A. ; Rocha, F. ; de Abreu, V. A. C. ; Shpigel, N. ; MIYOSHI, A. ; AZEVEDO, V. . Complete Genome Sequence of *Corynebacterium pseudotuberculosis* I-19, strain isolated from Israel Bovine mastitis. *Journal of Bacteriology (Print)*, v. 193, p. 323-324, 2010.

- ALMANY, GLENN R. DE ARRUDA, MAURÍCIO P. ARTHOFER, WOLFGANG ATALLAH, Z. K. BEISSINGER, STEVEN R. BERUMEN, MICHAEL L. BOGDANOWICZ, S. M. BROWN, S. D. BRUFORD, MICHAEL W. BURDINE, C. BUSCH, JEREMIAH W. CAMPBELL, NATHAN R. CAREY, D. CARSTENS, BRYAN C. CHU, K. H. CUBETA, MARC A. CUD, J. P. CUI, ZHAOXIA DATNOFF, L. E. DÁVILA, J. A. DAVIS, EMILY S. DAVIS, R. M. DIEKMANN, ONNO E. EIZIRIK, EDUARDO FARGALLO, J. A. , et al. ; Permanent Genetic Resources added to Molecular Ecology Resources Database 1 May 2009-31 July 2009. *Molecular Ecology Resources (Print)*, v. 9, p. 1460-1466, 2009.

- RUIZ, J. C. ; Santos, AR ; Pinto, AC ; RESENDE, D. M. ; RESENDE, D. M. ; Cerdeira, LT ; Ramos, RTJ ; Cuadros-Orellana, S. ; Almeida, SS ; Soares, SC ; D'afonseca, V ; Azevedo, V ; SILVA, A. . Segunda Revolução Genômica: Uso de sequenciadores de nova geração. *Microbiologia in Foco*, v. 2, p. 15-18, 2009.

- Plautz, Helio L. ; GONÇALVES, EVONNILDO C. ; Ferrari, Stephen F. ; SCHNEIDER, Maria Paula Cruz ; Schneider, Maria Paula C. ; SILVA, A. . Evolutionary inferences on the diversity of the genus *Aotus* (Platyrrhini, Cebidae) from mitochondrial cytochrome c oxidase subunit II gene sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, v. 51, p. 382-387, 2009.

- MENESCAL, Luciana Alcantarino ; GONÇALVES, Evonnildo Costa ; SILVA, A. ; FERRARI, Stephen Francis ; SCHNEIDER, Maria Paula Cruz ; SCHNEIDER, Maria Paula Cruz . Genetic Diversity of Red-Bellied Titis

(*Callicebus moloch*) from Eastern Amazonia Based on Microsatellite Markers. *Biochemical Genetics*, v. 47, p. 235-240, 2009.

**Linhas de Pesquisas:**

**Currículo Lattes:** <http://lattes.cnpq.br/7642043789034070>

---

**Nome:** Sandro José de Souza

**Titulação:** PhD

**Publicações:**

- Stransky, Beatriz ; de Souza, Sandro J. . Modeling tumor evolutionary dynamics. *Frontiers in Physiology*, v. 3, p. 480, 2013.
- SCHRIDER, DANIEL R. ; NAVARRO, FABIO C. P. ; Galante, Pedro A. F. ; Parmigiani, Raphael B. ; CAMARGO, ANAMARIA A. ; HAHN, MATTHEW W. ; de Souza, Sandro J. . Gene Copy-Number Polymorphism Caused by Retrotransposition in Humans. *PLOS Genetics (Online)*, v. 9, p. e1003242, 2013.
- de Souza, Sandro J. . Domain shuffling and the increasing complexity of biological networks. *BioEssays (Cambridge)*, v. 34, p. 655-657, 2012.
- KROLL, JOSÉ EDUARDO ; Galante, Pedro A.F. ; OHARA, DANIEL T. ; NAVARRO, FABIO C.P. ; OHNO-MACHADO, LUCILA ; de Souza, Sandro J. . SPLOOCE: A new portal for the analysis of human splicing variants. *RNA Biology*, v. 9, p. 1339-1343, 2012.
- FRANÇA, GUSTAVO S. ; CANCHERINI, DOUGLAS V. ; Souza, Sandro J. . Evolutionary history of exon shuffling. *Genetica (Dordrecht. Online)*, v. 140, p. 249-257, 2012.
- de Souza, J. E. ; Galante, P A ; VALIERIS, R. ; da Cunha, J. P. C. ; Ohno-Machado, L. ; Old, L. J. ; de Souza, Sandro J. . SurfaceomeDB: a

cancer-orientated database for genes encoding cell surface proteins. *Cancer Immunity*, v. 12, p. 15, 2012.

- ZHAO, Q. ; CABALLERO, O. L. D. ; GALANTE, Pedro Alexandre Favoretto ; PARMIGIANI, Raphael Bessa ; EDSHALL, L. ; KUAN, S. ; LEVY S. ; YE, Z. ; Ana Tereza Ribeiro de Vasconcelos ; REN BING ; de Souza, Sandro J ; CAMARGO, Anamaria Aranha ; SIMPSON, Andrew J G ; STRAUSBERG, Robert L . Systematic detection of putative tumor suppressor genes through the combined use of exome and transcriptome sequencing. *GenomeBiology.com* (London. Print), v. 11, p. R114, 2011.
- Daniel O Vidal ; SOUZA, Jorge Estefano Santana de ; PIRES, Lilian C ; MASOTTI, C. ; SALIM, A. C. M. ; COSTA, Maria C R ; GALANTE, Pedro Alexandre F ; de Souza SJ ; CAMARGO, Anamaria Aranha . Analysis of allelic differential expression in the human genome using allele-specific serial analysis of gene expression tags. *Genome* (Ottawa. Print), v. 54, p. 120-127, 2011.
- Galante, P. A. F. PARMIGIANI, R. B. ZHAO, Q. CABALLERO, O. L. de Souza, J. E. Navarro, F. C. P. Gerber, A. L. Nicolas, M. F. SALIM, A. C. M. Silva, A. P. M. Edsall, L. Devalle, S. Almeida, L. G. YE, Z. KUAN, S. Pinheiro, D. G. Tojal, I. Pedigoni, R. G. de Sousa, R. G. M. A. Oliveira, T. Y. K. de Paula, M. G. Ohno-Machado, L. KIRKNESS, E. F. LEVY, S. da Silva, W. A. , et al. ; Distinct patterns of somatic alterations in a lymphoblastoid and a tumor genome derived from the same individual. *Nucleic Acids Research*, v. 39, p. 6056-6068, 2011.
- CERUTTI, J. M. ; Oler, G. ; Delcelo, R. ; Gerardt, R. ; Michaluart, P. ; de Souza, S. J. ; Galante, P. A. F. ; Huang, P. ; Riggins, G. J. . PVALB, a New Hurthle Adenoma Diagnostic Marker Identified through Gene Expression. *The Journal of Clinical Endocrinology and Metabolism*, v. 96, p. E151-E160, 2011.
- de Souza, J. E. S. ; RAMALHO, R. F. ; Galante, P. A. F. ; MEYER, D. ; de Souza, S. J. . Alternative splicing and genetic diversity: silencers are more frequently modified by SNVs associated with alternative exon/intron borders. *Nucleic Acids Research*, v. 39, p. 4942-4948, 2011.

- Maschietto, M ; Trapé, A P ; Piccoli, F S ; Ricca, T I ; Dias, A A M ; Coudry, R A ; Galante, P A ; Torres, C ; Fahhan, L ; Lourenço, S ; Grundy, P E ; de Camargo, B ; de Souza, S ; Neves, E J ; Soares, F A ; Brentani, H ; Carraro, D M . Temporal blastemal cell gene expression analysis in the kidney reveals new Wnt and related signaling pathway genes to be essential for Wilms' tumor onset. CELL DEATH DIS, v. 2, p. e224, 2011.
- FERREIRA, Elisa Napolitano e ; Rangel, M.C. ; Galante, P. A. F. ; MOLINA, G. C. ; de Souza, J. E. ; de Souza, S. J. ; CARRARO, Dirce M . Alternative splicing enriched cDNA libraries to identify breast cancer associated transcripts. BMC Genomics, v. 11, p. S4, 2010.
- Zhao, Qi ; Kirkness, Ewen F ; CABALLERO, Otavia L ; Galante, Pedro A ; Parmigiani, Raphael B ; Edsall, Lee ; Kuan, Samantha ; Ye, Zhen ; Levy, Samuel ; Vasconcelos, Ana Tereza R ; Ren, Bing ; de Souza, Sandro J ; CAMARGO, Anamaria A ; Simpson, Andrew JG ; STRAUSBERG, Robert L . Systematic detection of putative tumor suppressor genes through the combined use of exome and transcriptome sequencing. GenomeBiology.com (London. Print), v. 11, p. R114, 2010.
- Ferreira, Elisa N ; Rangel, Maria CR ; Galante, Pedro F ; de Souza, Jorge E ; Molina, Gustavo C ; de Souza, Sandro J ; CARRARO, Dirce M . Alternative splicing enriched cDNA libraries identify breast cancer-associated transcripts. BMC Genomics, v. 11, p. S4, 2010.
- Cancherini, Douglas V ; França, Gustavo S ; de Souza, Sandro J . The role of exon shuffling in shaping protein-protein interaction networks. BMC Genomics, v. 11, p. S11, 2010.
- de Souza SJ . Exploiting EST in human health. Methods in Molecular Biology (Clifton), v. 533, p. 311-324, 2009.
- ZHAO, Q. ; CABALLERO, O. L. ; LEVY, S. ; STEVENSON, Brian J ; ISELI, C. ; de Souza SJ ; GALANTE, Pedro A F ; BUSAM, D. ; LEVERSHA, M. ; CHADALAVADA, K. ; ROGERS, Y. ; VENTER, J. ; SIMPSON, A. J. G. ; STRAUSBERG, Robert L . Transcriptome-guided characterization of genomic rearrangements in a breast cancer cell line. PNAS. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, v. 106, p. 1886-1891, 2009.

- da Cunha, J. P. C. ; Galante, P. A. F. ; de Souza, J. E. ; de Souza, R. F. ; Carvalho, P. M. ; Ohara, D. T. ; Moura, R. P. ; Oba-Shinja, S. M. ; Marie, S. K. N. ; Silva, W. A. ; Perez, R. O. ; Stransky, B. ; Pieprzyk, M. ; Moore, J. ; Caballero, O. ; Gama-Rodrigues, J. ; Habr-Gama, A. ; Kuo, W. P. ; Simpson, A. J. ; Camargo, A. A. ; Old, L. J. ; de Souza SJ . Bioinformatics construction of the human cell surfaceome. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, v. 106, p. 16752-16757, 2009.
- de Souza, Sandro J ; Stransky, Beatriz ; CAMARGO, Anamaria A . Insights into gliomagenesis: systems biology unravels key pathways. Genome Medicine, v. 1, p. 101, 2009.
- BETTONI, Fabiana ; Filho, Fernando Camargo ; Grosso, Daniela M. ; Galante, Pedro A.F. ; Parmigiani, Raphael B. ; Geraldo, Murilo V. ; Henrique-Silva, Flávio ; Oba-Shinjo, Sueli M. ; Marie, Suely K.N. ; Soares, Fernando A. ; BRENTANI, Helena Paula ; SIMPSON, A. J. G. ; de Souza SJ ; Camargo, A. A. . Identification of FAM46D as a novel cancer/testis antigen using EST data and serological analysis?. Genomics (San Diego), v. 94, p. 153-160, 2009.
- Galante, Pedro A. F. ; Sandhu, Devraj ; de Sousa Abreu, Raquel ; Gradassi, Michael ; Slager, Natanja ; Vogel, Christine ; Jose de Souza, Sandro ; Penalva, Luiz O.F. . A comprehensive in silico expression analysis of RNA binding proteins in normal and tumor tissue; identification of potential players in tumor formation. RNA Biology, v. 6, p. 426-433, 2009.
- PINHEIRO, Daniel G ; Galante, Pedro AF ; de Souza, Sandro J ; ZAGO, Marco A ; Silva, Wilson A . A score system for quality evaluation of RNA sequence tags: an improvement for gene expression profiling. BMC Bioinformatics, v. 10, p. 170, 2009.

**Linhas de Pesquisas:** Bioinformática; Genômica; Transcriptoma; Evolução Molecular.

**Currículo Lattes:** <http://lattes.cnpq.br/8479967495464590>

---

**Nome:** Beatriz Stransky Ferreira

**Titulação:** PhD

**Publicações:**

- Stransky, Beatriz ; De Souza, S. J. . Modeling tumor evolutionary dynamics. *Frontiers in Physiology*, v. 3, p. 480, 2013.
- de Souza, S.J. ; Stransky, B. ; Camargo, A. A. . Insights into gliomagenesis: systems biology unravels key pathways. *Genome Medicine*, v. 1, p. 101, 2009
- da Cunha, J. P. C. ; Galante, P. A. F. ; de Souza, J. E. ; de Souza, R. F. ; Carvalho, P. M. ; Ohara, D. T. ; Moura, R. P. ; Oba-Shinja, S. M. ; Marie, S. K. N. ; Silva, W. A. ; Perez, R. O. ; Stransky, B. ; Pieprzyk, M. ; Moore, J. ; Caballero, O. ; Gama-Rodrigues, J. ; Habr-Gama, A. ; Kuo, W. P. ; SIMPSON, A. J. ; Camargo, A. A. ; Old, L. J. ; de Souza, S.J. . Bioinformatics construction of the human cell surfaceome. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, v. 106, p. 16752-16757, 2009.

**Linhas de Pesquisas:**

**Currículo Lattes:** <http://lattes.cnpq.br/3142264445097872>

---

**Nome:** Paulo Pimentel de Assumpção

**Titulação:** PhD

**Publicações:**

- PEREIRA, CYNTHIA BRITO LINS ; Leal, Mariana Ferreira ; DE SOUZA, CAROLINA ROSAL TEIXEIRA ; MONTENEGRO, RAQUEL CARVALHO ; REY, JUAN ANTONIO ; CARVALHO, ANTÔNIO ALBERTO ; ASSUMPÇÃO, PAULO PIMENTEL ; Khayat, André Salim ; PINTO, GIOVANNY REBOUÇAS ; DEMACHKI, SÂMIA ; de Arruda Cardoso Smith, Marília ; Burbano, Rommel Rodríguez . Prognostic and Predictive Significance of MYC and KRAS Alterations in Breast Cancer from Women Treated with Neoadjuvant Chemotherapy. *Plos One*, v. 8, p. e60576, 2013.

- DE SOUZA, CAROLINA ROSAL TEIXEIRA ; Leal, Mariana Ferreira ; Calcagno, Danielle Queiroz ; COSTA SOZINHO, ELIANA KELLY ; BORGES, BÁRBARA DO NASCIMENTO ; MONTENEGRO, RAQUEL CARVALHO ; DOS SANTOS, ÂNDREA KELY CAMPOS RIBEIRO ; DOS SANTOS, SIDNEY EMANUEL BATISTA ; RIBEIRO, HELEM FERREIRA ; ASSUMPÇÃO, PAULO PIMENTEL ; de Arruda Cardoso Smith, Marília ; Burbano, Rommel Rodríguez . MYC Deregulation in Gastric Cancer and Its Clinicopathological Implications. Plos One, v. 8, p. e64420, 2013.
- MOREIRA, C. O. ; Borges da Costa, Joana de Fátima Ferreira ; LEAL, M. F. ; Andrade Junior, E.F.A. ; Rezende, A.P. ; Ibeloni, A.A. ; Muniz, J.A.P.C. ; SMITH, M. A. C. ; BURBANO, R. R. ; ASSUMPÇÃO, Paulo Pimentel de . Lymphocyte proliferation stimulated by activated Cebus apella macrophages treated with a complex homeopathic immune response modifiers. Homeopathy (Edinburgh. Print), v. 101, p. 74-79, 2012
- LEAL, M. F. ; CALCAGNO, D. Q. ; DEMACHKI, S. ; ASSUMPÇÃO, Paulo Pimentel de ; Chammas, R. ; BURBANO, R. R. ; SMITH, M. A. C. . The clinical implication of 14-3-3 epsilon expression in gastric cancer. World Journal of Gastroenterology, v. 18, p. 1531-1537, 2012
- LEAL, M. F. ; CALCAGNO, D. Q. ; KHAYAT, A. S. ; Silva, Tanielly Cristina Raiol ; Muniz, J.A.P.C. ; ASSUMPÇÃO, Paulo Pimentel de ; SMITH, M. A. C. ; BURBANO, R. R. . hTERT and TP53 deregulation in intestinal-type gastric carcinogenesis in non-human primates. Clinical and Experimental Medicine (Testo stampato), v. 17, p. 22707033, 2012.
- LEAL, M. F. ; CALCAGNO, D. Q. ; ASSUMPÇÃO, Paulo Pimentel de ; DEMACHKI, S. ; SILVA, I. D. C.G. ; Chammas, R. ; BURBANO, R. R. ; SMITH, M. A. C. . Differential proteomic analysis of noncardia gastric cancer from individuals of Northern Brazil. Plos One, v. 7, p. e42255, 2012.
- LEAL, M. F. ; CALCAGNO, D. Q. ; Souza, C.R.T. ; KHAYAT, A. S. ; SANTOS, N. C. R. ; Montenegro, R.C. ; RABENHORST, S. H. ; NASCIMENTO, M.P. ; ASSUMPÇÃO, Paulo Pimentel de ; SMITH, M. A. C. ; BURBANO, R. R. . hTERT, MYC and TP53 deregulation in gastric preneoplastic lesions. BMC Gastroenterology (Online), v. 6, p. 1-85, 2012



- Leal, Mariana Ferreira Leal, Mariana Ferreira Leal, Mariana Ferreira Antunes, Lusânia Maria Greggí Lamarão, Maria Fernanda Vita da Silva, Carla Elvira Araújo da Silva, Ismael Dale Cotrim Guerreiro de Assumpção, Paulo Pimentel de Andrade, Edilson Ferreira Pingarilho, Alexandre Rezende Imbeloni, Aline Amaral Muniz, José Augusto Pereira Carneiro Ponto, Giovanny Rebouças Smith, Marília de Arruda Cardoso Burbano, Rommel Rodríguez Antunes, Lusânia Maria Greggí Burbano, Rommel Rodríguez Pingarilho, Alexandre Rezende da Silva, Ismael Dale Cotrim Guerreiro Imbeloni, Aline Amaral Smith, Marília de Arruda Cardoso Lamarão, Maria Fernanda Vita de Assumpção, Paulo Pimentel Muniz, José Augusto Pereira Carneiro de Andrade, Edilson Ferreira , et al. ; The protective effect of Canova homeopathic medicine in cyclophosphamide-treated non-human primates. Food and Chemical Toxicology, v. S0278, p. 675-678, 2012.
- Gígek, Carolina Oliveira ; Lisboa, Luara Carolina Frias ; Leal, Mariana Ferreira ; Silva, Patricia Natalia Oliveira ; Lima, Eleonidas Moura ; Khayat, André Salim ; ASSUMPÇÃO, Paulo Pimentel de ; Burbano, Rommel Rodriguez ; BURBANO, R. R. ; Smith, Marilia de Arruda Cardoso . SMARCA5 Methylation and Expression in Gastric Cancer. Cancer Investigation, v. 29, p. 162-166, 2011
- Leal, Mariana Ferreira ; Calcagno, Danielle Queiroz ; Borges da Costa, Joana de Fátima Ferreira ; Silva, Tanielly Cristina Raiol ; Khayat, André Salim ; Chen, Elizabeth Suchi ; ASSUMPÇÃO, Paulo Pimentel de ; de Arruda Cardoso Smith, Marília ; BURBANO, R. R. ; Burbano, Rommel Rodríguez . MYC, TP53, and Chromosome 17 Copy-Number Alterations in Multiple Gastric Cancer Cell Lines and in Their Parental Primary Tumors. Journal of Biomedicine and Biotechnology (Print), v. 2011, p. 1-8, 2011
- ISHAK, G. ; Ribeiro,F. ; COSTA, D. S. ; Bahia,L. ; Dias,E. ; ASSUMPÇÃO, Paulo Pimentel de . Gallbladder cancer: 10 years of experience at an Amazon reference hospital. Revista do Colégio Brasileiro de Cirurgiões (Impresso), v. 38, p. 100-104, 2011
- Borges da Costa, Joana de Fátima Ferreira ; LEAL, M. F. ; Silva, Tanielly Cristina Raiol ; Andrade Junior,E.F.A> ; Rezende, A.P. ; Muniz, J.A.P.C. ; Lacreta Junior, A.C.C. ; ASSUMPÇÃO, Paulo Pimentel de ;

CALCAGNO, D. Q. ; DEMACHKI, S. ; RABENHORST, S. H. ; SMITH, M. A. C. ; BURBANO, R. R. . Experimental Gastric Carcinogenesis in Cebus apella Nonhuman Primates. Plos One, v. 6, p. e21988, 2011

- Gígek, Carolina Oliveira ; Leal, Mariana Ferreira ; Lisboa, Luara Carolina Frias ; Silva, Patricia Natalia Oliveira ; Chen, Elizabeth Suchi ; Lima, Eleonidas Moura ; Calcagno, Danielle Queiroz ; ASSUMPÇÃO, Paulo Pimentel de ; BURBANO, R. R. ; Burbano, Rommel Rodriguez ; Smith, Marília de Arruda Cardoso . Insulin-like growth factor binding protein-3 gene methylation and protein expression in gastric adenocarcinoma. Growth Hormone & IGF Research, v. 20, p. 234-238, 2010

- ASSUMPCAO, M. B. ; MARTINS, L. C. ; MELO, H. P. ; BARILE, K.A. ; ALMEIDA, S. S. ; ASSUMPÇÃO, Paulo Pimentel de ; CORVELO, T. C. . Helicobacter pylori in dental plaque and stomach of patients from Northern Brazil. World Journal of Gastroenterology, v. 16, p. 3033-3039, 2010

- CALCAGNO, D. Q. ; LEAL, M. F. ; DEMACHKI, S. ; ARAUJO, M. ; FREITAS, F. W. ; SOUZA, E. O. ; ALMEIDA, S. S. ; ASSUMPÇÃO, Paulo Pimentel de ; ISHAK, G. ; SMITH, M. A. C. ; BURBANO, R. R. . MYC in gastric carcinoma and intestinal metaplasia of young adults. Cancer Genetics and Cytogenetics, v. 1, p. 63-66, 2010

- SANTOS, A. K. R. D. ; KHAYAT, A. S. ; SILVA, A. ; Alencar, D.O. ; Lobato, J. ; Luz, L. ; Pinheiro, G.P. ; Varuzza, L. ; ASSUMPCAO, M. B. ; ASSUMPÇÃO, Paulo Pimentel de ; Silva Júnior, W. A. ; BURBANO, R. R. ; Darnet, S. . ULTRA-DEEP SEQUENCING REVEALS THE MICRORNA EXPRESSION PATTERN OF THE HUMAN STOMACH. Plos One, v. 5, p. e13205, 2010

- BURBANO, Rommel ; LEAL, M. F. ; COSTA, J.B. ; KHAYAT, A. S. ; SELIGMAN, I.C. ; ASSUMPÇÃO, Paulo Pimentel de ; SMITH, M. A. . Lymphocyte proliferation stimulated by activated human macrophages treated with Canova. Homeopathy (Edinburgh), v. 98, p. 45-48, 2009

- TAKENO, S. ; LEAL, M. F. ; FRIAS, L. C. ; Lipay, M.V ; KHAYAT, A. S. ; ASSUMPÇÃO, Paulo Pimentel de ; BURBANO, Rommel ; SMITH, M. A. . Genomic alterations in diffuse-type gastric cancer as shown by high-

resolution comparative genomic hybridization. *Cancer Genetics and Cytogenetics*, v. 190, p. 1-7, 2009

- KHAYAT, A. S. ; GUIMARÃES, A. C. ; CALCAGNO, D. Q. ; SEABRA, A. D. ; LIMA, E. M. ; LEAL, M. F. ; FARIA, M. H. ; RABENHORST, S. H. ; ASSUMPÇÃO, Paulo Pimentel de ; DEMACHKI, S. ; SMITH, M. A. C. ; BURBANO, R. R. ; BURBANO, R. R. . Interrelationship between TP53 gene deletion, protein expression and chromosome 17 aneusomy in gastric adenocarcinoma. *BMC Gastroenterology (Online)*, v. 9, p. 55-1-7, 2009
- CALCAGNO, D. Q. ; GUIMARÃES, A. C. ; LEAL, M. F. ; SEABRA, A. D. ; KHAYAT, A. S. ; PONTES, T. B. ; ASSUMPÇÃO, Paulo Pimentel de ; SMITH, M. A. C. ; BURBANO, R. R. ; BURBANO, R. R. . MYC Insertions in Diffuse-type Gastric Adenocarcinoma. *Anticancer Research*, v. 29, p. 2479-2483, 2009
- LEAL, M. F. ; NASCIMENTO, J. L. M. ; SILVA, C. E. A. ; LAMARÃO, M. F. V. ; CALCAGNO, D. Q. ; KHAYAT, A. S. ; ASSUMPÇÃO, Paulo Pimentel de ; CABRAL, I. R. ; SMITH, M. A. C. ; BURBANO, R. R. ; BURBANO, R. R. . Establishment and conventional cytogenetic characterization of three gastric cancer cell lines. *Cancer Genetics and Cytogenetics*, v. 195, p. 85-91, 2009
- Giguek, Carolina Oliveira ; Leal, Mariana Ferreira ; Silva, Patricia Natalia Oliveira ; Lisboa, Luara Carolina Frias ; Lima, Eleonidas Moura ; Calcagno, Danielle Queiroz ; ASSUMPÇÃO, Paulo Pimentel de ; BURBANO, R. R. ; Burbano, Rommel Rodriguez ; Smith, Marilia de Arruda Cardoso . methylation and expression in gastric cancer. *Biomarkers (London)*, v. 14, p. 630-636, 2009

**Linhas de Pesquisas:** Câncer Gástrico; Oncologia; Genética Médica; Farmacogenética.

**Currículo Lattes:** <http://lattes.cnpq.br/7323606327039876>

---

**Nome:** Ney Pereira Carneiro dos Santos

**Titulação:** PhD

**Publicações:**

- SANTOS, N. P. C. ; CALLEGARI-JACQUES, S. M. ; RIBEIRO DOS SANTOS, A. K. C. ; SILVA, C. A. ; VALLINOTO, A. C. R. ; FERNANDES, D. C. R. O. ; DE CARVALHO, D. C. ; SANTOS, S. E. B. ; HUTZ, M. H. . N-acetyl transferase 2 and cytochrome P450 2E1 genes and isoniazid-induced hepatotoxicity in Brazilian patients. *The International Journal of Tuberculosis and Lung Disease*, v. 17, p. 499-504, 2013.
- ROEWER, LUTZ NOTHNAGEL, MICHAEL Gusmão, Leonor GOMES, VERONICA GONZÁLEZ, MIGUEL CORACH, DANIEL SALA, ANDREA ALECHINE, EVGUENIA PALHA, TERESINHA SANTOS, NEY RIBEIRO-DOS-SANTOS, ANDREA GEPPERT, MARIA WILLUWEIT, SASCHA NAGY, MARION ZWEYNERT, SARAH BAETA, MIRIAM NÚÑEZ, CAROLINA MARTÍNEZ-JARRETA, BEGOÑA GONZÁLEZ-ANDRADE, FABRICIO FAGUNDES DE CARVALHO, ELIZEU DA SILVA, DAYSE APARECIDA BUILES, JUAN JOSÉ TURBÓN, DANIEL LOPEZ PARRA, ANA MARIA ARROYO-PARDO, EDUARDO , et al. ; Continent-Wide Decoupling of Y-Chromosomal Genetic Variation from Language and Geography in Native South Americans. *PLOS Genetics (Online)*, v. 9, p. e1003460, 2013.
- GARCIA, P. ; ALENCAR, D. ; PINTO, P. ; SANTOS, N. ; SALGADO, C. ; SORTICA, V. A. ; HUTZ, M. H. ; RIBEIRO DOS SANTOS, A. ; SANTOS, S. . Haplotypes of IL10 gene (A-1082G, C-819T and C-592A) as potential protection factors in leprosy patients.. *Clinical and Vaccine Immunology*, v. 20, p. CVI.00334-13, 2013.
- SILVA, TANIELLY CRISTINA RAIOL ; LEAL, MARIANA FERREIRA ; CALCAGNO, DANIELLE QUEIROZ ; TEIXEIRA DE SOUZA, CAROLO ROSAL ; KHAYAT, ANDRÉ SALIM ; CARNEIRO DOS SANTOS, NEY PEREIRA ; MONTENEGRO, RAQUEL CARVALHO ; RABENHORST, SILVIA HELENA BAREM ; NASCIMENTO, MAYARA QUARESMA ; ASSUMPÇÃO, PAULO PIMENTEL ; CARDOSO SMITH, MARÍLIA DE ARRUDA ; BURBANO, ROMMEL RODRÍGUEZ . hTERT, MYC and TP53

deregulation in gastric preneoplastic lesions. BMC Gastroenterology (Online), v. 12, p. 85, 2012

- PINTO, PABLO ; SALGADO, CLAUDIO GUEDES ; SANTOS, NEY ; ALENCAR, DAYSE O. ; Santos, Sidney ; Hutz, Mara H. ; Ribeiro-dos-Santos, Ândrea . Polymorphisms in the CYP2E1 and GSTM1 Genes as Possible Protection Factors for Leprosy Patients. Plos One, v. 7, p. e47498, 2012.

- Sortica, Vinicius A ; CUNHA, MARISTELA G ; OHNISHI, MARIA DEISE ; SOUZA, JOSE M ; RIBEIRO-DOS-SANTOS, ÂNDREA KC ; SANTOS, NEY PC ; CALLEGARI-JACQUES, SÍDIA M ; SANTOS, Sidney EB ; HUTZ, Mara H . IL1B, IL4R, IL12RB1 and TNF gene polymorphisms are associated with plasmodium vivax malaria in Brazil. Malaria Journal (Online), v. 11, p. 409, 2012.

- Lopes Maciel, Luana Gomes ; Ribeiro Rodrigues, Elzemar Martins ; Carneiro Dos Santos, Ney Pereira ; Ribeiro Dos Santos, Ândrea ; Guerreiro, João Farias ; Santos, Sidney . Afro-Derived Amazonian Populations: Inferring Continental Ancestry and Population Substructure. Human Biology (Print), v. 83, p. 627-636, 2011SANTOS, N. P. C. ; Ribeiro-Rodrigues, Elzemar M. ; Ribeiro-dos-Santos, Ândrea K.C. ; Pereira, Rui ; Gusmão, Leonor ; Amorim, António ; Guerreiro, João F. ; Zago, Marco A. ; Matte, Cecília ; Hutz, Mara H. ; Santos, Sidney E.B. . Assessing individual interethnic admixture and population substructure using a 48-insertion-deletion (INSEL) ancestry-informative marker (AIM) panel. Human Mutation, v. 31, p. 184-190, 2010

- Freitas, Natalle S. C. ; Resque, Rafael L. ; Ribeiro-Rodrigues, Elzemar M. ; Guerreiro, João F. ; Santos, Ney P. C. ; Ribeiro-dos-Santos, Ândrea ; Santos, Sidney . X-linked insertion/deletion polymorphisms: forensic applications of a 33-markers panel. International Journal of Legal Medicine (Print), v. 124, p. 589-593, 2010

- Resque, Rafael Lima ; Freitas, Natalle Do Socorro Da Costa ; Rodrigues, Elzemar Martins Ribeiro ; Guerreiro, João Farias ; Santos, Ney Pereira Carneiro Dos ; Ribeiro Dos Santos, Ândrea ; Zago, Marco Antonio ; Santos, Sidney . Estimates of interethnic admixture in the Brazilian

population using a panel of 24 X-linked insertion/deletion markers. American Journal of Human Biology, v. 22, p. 849-852, 2010.

- Rodrigues, Elzemar Martins Ribeiro ; Santos, Ney Pereira Carneiro ; Santos, Ândrea Kely Campos Ribeiro ; Marinho, Anderson Nonato ; Zago, Marco Antonio ; Gomes, Iva ; Amorim, António ; Gusmão, Leonor ; Santos, Sidney Emanuel Batista . An INDEL polymorphism at the X-STR GATA172D05 flanking region. International Journal of Legal Medicine (Print), v. 123, p. 89-94, 2009

- RIBEIRO-RODRIGUES, ELZEMAR MARTINS ; DOS SANTOS, NEY PEREIRA CARNEIRO ; DOS SANTOS, ÂNDREA KELY CAMPOS RIBEIRO ; Pereira, Rui ; Amorim, António ; Gusmão, Leonor ; Zago, Marco Antonio ; DOS SANTOS, SIDNEY EMANUEL BATISTA . Assessing interethnic admixture using an X-linked insertion-deletion multiplex. American Journal of Human Biology, v. 21, p. 707-709, 2009

**Linhas de Pesquisas:** Farmacogenética; Genética do Câncer; Oncologia; Ancestralidade e Identidade Nacional; Genética Médica; Genética Forense.

**Currículo Lattes:** <http://lattes.cnpq.br/1290427033107137>

---

**Nome:** Ádamo Lima de Santana

**Titulação:** PhD

**Publicações:**

- SANTANA, Á. L. ; CONDE, G. ; SANTOS, F. ; SILVA, R. ; FRANCÊS, C. R. L. ; TOSTES, M. E. L. . A New Methodology for Grouping Electric Power Consuming Units to Meet Continuity Indicators Targets Established by the Brazilian Regulatory Agency. IET Generation, Transmission & Distribution (Print), v. 7, p. 414-419, 2013.

- SANTANA, Á. L. ; FRANCÊS, C. R. L. ; CONDE, G. ; ROCHA, C. A. ; REGO, L. P. ; BEZERRA, U. ; COSTA, J. C. W. A. ; CARDOSO, D. L. . PREDICT - Decision support system for load forecasting and inference: a new undertaking for Brazilian power suppliers. International Journal of Electrical Power & Energy Systems, v. 38, p. 33-45, 2012.

- SERUFFO, M. C. ; CARDOSO, D. L. ; SILVA, C. N. ; ALVES, C. P. ; SANTANA, Á. L. ; FRANCÊS, C. R. L. . A Heuristic Algorithm based on multicriteria analysis for selection of first mile access in standard ISDB-T. IET Communications (Print), v. 6, p. 2933-2940, 2012.
- SANTANA, A. C. ; SANTOS, M.A.S. ; SANTANA, Á. L. ; YARED, J. A. . O valor econômico da extração manejada de madeira no Baixo Amazonas, Estado do Pará. Revista Árvore (Impresso), v. 36, p. 527-536, 2012.
- CARDOSO, D. L. ; SANTANA, Á. L. ; SILVA, M. S. ; FRANCÊS, C. R. L. ; COSTA, J. C. W. A. ; VIJAYKUMAR, N. L. ; CARVALHO, S. V. . Green-Markov models - new optimization strategies: a case study for user allocation in co-channel macro/femto networks. Journal of Microwaves, Optoelectronics and Electromagnetic Applications, v. 11, p. 267-282, 2012.
- SANTANA, A. C. ; SANTANA, Á. L. ; SANTOS, M.A.S. . Influência do desmatamento no mercado de madeira em tora da região Mamuru-Arapiuns, Sudoeste do Pará. Revista de Ciências Agrárias (Belém), v. 54, p. 44-53, 2011.
- SANTANA, A. C. ; SANTOS, M.A.S. ; YARED, J. A. ; SANTANA, Á. L. . Determinação dos preços da madeira em pé para as áreas de florestas públicas da região do Baixo Amazonas, no Estado do Pará. Revista de Estudos Sociais (UFMT), v. 13, p. 1-15, 2011.
- CARDOSO, D. L. ; SANTANA, Á. L. ; FRANCÊS, C. R. L. . Strategies for Planning Large Capillarity Broadband Networks Based on ADSL2+ Technology: A Case of Study for QoS-Aware Triple Play Services. Lecture Notes in Computer Science, v. 6157, p. 134-144, 2010.
- SANTANA, Á. L. ; REGO, L. P. ; CONDE, G. ; FRANCÊS, C. R. L. ; ROCHA, C. A. ; SILVA, M. S. . Comparative Analyses of Computational Intelligence Models for Load Forecasting: a Case Study in the Brazilian Amazon Power Suppliers. Lecture Notes in Computer Science, v. 5553, p. 1044-1053, 2009.
- SANTANA, Á. L. ; CONDE, G. ; REGO, L. P. ; FRANCÊS, C. R. L. ; ROCHA, C. A. . Predict - Sistema de Suporte à Decisão para Estimação de Cargas e Modelagem de Dependência em Sistemas Elétricos. P&D: Revista Pesquisa e Desenvolvimento da Aneel, v. 3, p. 97-100, 2009.

## **Linhas de Pesquisas:**

**Currículo Lattes:** <http://lattes.cnpq.br/4073088744952858>

—

---

**Nome:** Sylvain Henri Darnet

**Titulação:** PhD

### **Publicações:**

- Gordo, S. ; PINHEIRO, Daniel ; Edith Cibelle Oliveira Moreira ; Simone de Miranda Rodrigues ; POLTRONIERI, M. C. ; LEMOS, Oriel Filgueira ; TOJAL, I. ; SILVA, Artur Luiz da Costa ; SCHNEIDER, H. ; SILVA, Wilson Araujo ; SAMPAIO, I. ; DARNET, Sylvain . High-throughput sequencing of black pepper root transcriptome. BMC Plant Biology (Online), v. 12, p. 168, 2012
- Darnet, Sylvain ; Serra, Josilene L. ; da Cruz Rodrigues, Antonio Manoel ; Meller da Silva, Luiza H. . A high-performance liquid chromatography method to measure tocopherols in assai pulp (Euterpe oleracea). Food Research International, v. 44, p. 2107-2111, 2011
- Darnet, Sylvain Henri ; SILVA, Luiza Helena Meller da ; Rodrigues, Antonio Manoel da Cruz ; LINS, Roseana Telles . Nutritional composition, fatty acid and tocopherol contents of buriti (*Mauritia flexuosa*) and patawa (*Oenocarpus bataua*) fruit pulp from the amazon region. Ciência e Tecnologia de Alimentos (Impresso), v. 31, p. 488-491, 2011
- SOUSA, C R B ; Brígida, Ailton Borges Santa ; Santos, Rafaela Cabral dos ; Nazaré Monteiro Costa, Carinne ; Darnet, Sylvain Henri ; HARADA, Maria Lúcia . Identification of sequences expressed during compatible black pepper *Fusarium solani* f. sp. *piperis* interaction. Acta Physiologiae Plantarum, v. 33, p. 2553-2560, 2011.
- Rodrigues, Antonio M. da Cruz ; Darnet, Sylvain ; Silva, Luiza H. Meller da . Fatty acid profiles and tocopherol contents of buriti (*Mauritia flexuosa*),



patawa (*Oenocarpus bataua*), tucuma (*Astrocaryum vulgare*), mari (Poraqueiba paraensis) and inaja (*Maximiliana maripa*) fruits. Journal of the Brazilian Chemical Society (Impresso), v. 21, p. 2000-2004, 2010  
Ribeiro-dos-Santos, Ândrea ; Khayat, André S. ; Silva, Artur ; Alencar, Dayse O. ; Lobato, Jessé ; Luz, Larissa ; Pinheiro, Daniel G. ; Varuzza, Leonardo ; Assumpção, Monica ; Assumpção, Paulo ; Santos, Sidney ; Zanette, Dalila L. ; Silva, Wilson A. ; Burbano, Rommel ; Darnet, Sylvain . Ultra-Deep Sequencing Reveals the microRNA Expression Pattern of the Human Stomach. Plos One, v. 5, p. e13205, 2010

- BEZERRA, Nascimento Soelange ; Julio Cezar de Mattos Cascardo ; MENEZES, Ilmarina Campos ; DUARTE, Maria de Lourdes Reis ; DARNET, Sylvain ; HARADA, Maria Lúcia ; SOUZA, Cláudia Regina Batista de . Identifying Sequences Potentially Related to Resistance Response of *Piper tuberculatum* to *Fusarium solani* f. sp. *piperis* by Suppression Subtractive Hybridization. Protein and Peptide Letters, v. 16, p. 1429-1434, 2009

**Linhas de Pesquisas:** Genética Vegetal; Função dos esteróis em plantas; Bioprospecção de Antioxidantes Lipossolúveis; Genética Molecular; Bioestatística; Bioinformática; Biotecnologia Vegetal

**Currículo Lattes:** <http://lattes.cnpq.br/4586614214029929>

---

**Nome:** Rommel Thiago Juca Ramos

**Titulação:** PhD

**Publicações:**

- Barh, D. ; Carneiro, Adriana R ; RAMOS, R. T. J. ; SILVA, A. ; Azevedo, Vasco Ariston Carvalho . Exoproteome and Secretome Derived Broad Spectrum Novel Drug and Vaccine Candidates in *Vibrio cholerae* Targeted by *Piper betel* Derived Compounds. Plos One, v. 8, p. e52773, 2013.

- Castro, Thiago L. P. ; Seyffert, Núbia ; RAMOS, R. T. J. ; Carneiro, Adriana R ; SCHNEIDER, Maria Paula Cruz ; AZEVEDO, V. ; SILVA, A. . Ion Torrent-based transcriptional assessment of a *Corynebacterium pseudotuberculosis* equi strain reveals denaturing high-performance liquid chromatography a promising rRNA depletion method. *Microbial Biotechnology* (Online), v. 1, p. n/a-n/a, 2013.
- SOARES, S. ; SANTOS, A. R. ; ALMEIDA, S. S. ; GUIMARÃES, L. C. ; RAMOS, R. T. J. ; SILVA, A. ; AZEVEDO, V. . The Pan-Genome of the Animal Pathogen *Corynebacterium pseudotuberculosis* Reveals Differences in Genome Plasticity between the Biovar *ovis* and *equi* Strains. *Plos One*, v. 8, p. e53818, 2013.
- LEÃO, SYLVIA CARDOSO ; MATSUMOTO, CRISTIANNE KAYOKO ; CARNEIRO, ADRIANA ; Ramos, Rommel Thiago ; NOGUEIRA, CHRISTIANE LOURENÇO ; JUNIOR, JAMES DALTRO LIMA ; LIMA, KARLA VALÉRIA ; LOPES, MARIA LUIZA ; Schneider, Horacio ; AZEVEDO, VASCO ARISTON ; DA COSTA DA SILVA, ARTUR . The Detection and Sequencing of a Broad-Host-Range Conjugative IncP-1 $\beta$  Plasmid in an Epidemic Strain of *Mycobacterium abscessus* subsp. *bolletii*. *Plos One*, v. 8, p. e60746, 2013.
- Barh, Debmalya Gupta, Krishnakant Jain, Neha KHATRI, G. LEON-SICAÍROS, N. CANIZALEZ-ROMAN, A. Tiwari, S. VERMA, A. RAHANGDALE, S. Hassan, Syed S. SANTOS, A. R. ALI, A. Guimarães, Luis C. Ramos, R. T. J. DEVARAPALLI, P. BARVE, N. Bakhtiar, Syeda M. KUMAVATH, R. Ghosh, P. MIYOSHI, A. Artur Luiz da Costa da Silva Anil Kumar Misra, Amarendra Narayan BLUM, K. Baumbach, J. , et al. ; Conserved host pathogen PPIs Globally conserved inter-species bacterial PPIs based conserved host-pathogen interactome derived novel target in *C. pseudotuberculosis*, *C. diphtheriae*, *M. tuberculosis*, *C. ulcerans*, *Y. pestis*, and *E. coli* targeted by Piper betel compounds. *INTEGR BIOL-UK*, v. 1, p. 01-15-15, 2013.
- ASSIS DAS GRACAS, D. ; THIAGO JUCA RAMOS, R. ; VIEIRA ARAUJO, A. C. ; ZAHLOUTH, R. ; RIBEIRO CARNEIRO, A. ; SOUZA LOPES, T. ; AZEVEDO BARAUNA, R. ; Azevedo, V. ; CRUZ SCHNEIDER,

M. P. ; PELLIZARI, V. H. ; SILVA, A. . Complete Genome of a *Methanosarcina mazei* Strain Isolated from Sediment Samples from an Amazonian Flooded Area. *Genome Announcements*, v. 1, p. e00271-13-e00271-13, 2013.

Ramos, Rommel Thiago Jucá ; CARNEIRO, ADRIANA ; SÁ, P. H. C. G. ; Azevedo, Vasco ; SCHNEIDER, Maria Paula Cruz ; Barh, Debmalaya ; SILVA, A. . Graphical contig analyzer for all sequencing platforms (G4ALL): a new stand-alone tool for finishing and draft generation of bacterial genomes. *Bioinformatics (Online) (Chennai)*, v. 9, p. 599-604, 2013.

Rommel T. J. Ramos ; Carneiro, A. R. ; SOARES, S. ; Tauch, Andreas ; Schneider, Maria Paula C. ; AZEVEDO, V. ; SILVA, A. . High efficiency application of a mate-paired library from Next-Generation Sequencing to PostLight sequencing: *Corynebacterium pseudotuberculosis* as a case study for microbial de novo genome assembly. *Journal of Microbiological Methods*, v. 1, p. 130, 2013.

- PEREIRA, ULISSES DE PÁDUA ; SANTOS, A. R. ; Hassan, Syed S. ; ABURJAILE, F. F. ; SOARES, S. C. ; Ramos, R. T. J. ; Carneiro, Adriana R ; GUIMARAES, L. C. ; ALMEIDA, S. S. ; DINIZ, C. ; MATTOS, S. V. M. ; Gomes de Sa, P. H. C. ; ALI, A. ; Bakhtiar, Syeda M. ; Dorella, F. A. ; Zerlotini, Adhemar ; ARAUJO, F. M. G. ; LEITE, L. R. ; Guilherme Correa de Oliveira ; MIYOSHI, A. ; Artur Luiz da Costa da Silva ; AZEVEDO, V. ; AZEVEDO, V. ; FIGUEIREDO, H. C. P. . Complete genome sequence of *Streptococcus agalactiae* strain SA20-06, a fish pathogen associated to meningoencephalitis outbreaks. *STAND GENOMIC SCI*, v. 8, p. 1010100-1010100, 2013

- MARINHO ALMEIDA, D. ; DINI-ANDREOTE, F. ; CAMARGO NEVES, A. A. ; Ramos, R. T. J. ; ANDREOTE, F. D. ; CARNEIRO, A. R. ; OLIVEIRA DE SOUZA LIMA, A. ; CARACCIOLO GOMES DE SA, P. H. ; RIBEIRO BARBOSA, M. S. ; ARAUJO, W. L. ; SILVA, A. ; SILVA, A. . Draft Genome Sequence of *Methylobacterium mesophilicum* Strain SR1.6/6, Isolated from *Citrus sinensis*. *Genome Announcements*, v. 1, p. e00356-13-e00356-13, 2013.

- FIORI, M. ; ALVARENGA, D. ; VARANI, A. ; HOFF-RISSETI, C. ; CRESPI, E. ; Ramos, Rommel Thiago Jucá ; SILVA, A. ; SCHAKER, P. ;

HECK, K. ; RIGONATO, J. ; SCHNEIDER, Maria Paula Cruz . Draft Genome Sequence of the Brazilian Toxic Bloom-Forming Cyanobacterium *Microcystis aeruginosa* Strain SPC777. *Genome Announcements*, v. 1, p. e00547-13-e00547-13, 2013.

- PEREIRA, U.P. ; SOARES, S.C. ; BLOM, J. ; LEAL, C.A.G. ; RAMOS, R.T.J. ; GUIMARÃES, L.C. ; OLIVEIRA, L.C. ; ALMEIDA, S.S. ; HASSAN, S.S. ; SANTOS, A.R. ; Miyoshi, A. ; SILVA, A. ; Tauch, A. ; Barh, D. ; Azevedo, V. ; FIGUEIREDO, H.C.P. . In silico prediction of conserved vaccine targets in *Streptococcus agalactiae* strains isolated from fish, cattle, and human samples. *Genetics and Molecular Research*, v. 12, p. 2902-2912, 2013.

- Ramos, Rommel ; Carneiro, Adriana Ribeiro ; Azevedo, Vasco ; SCHNEIDER, Maria Paula Cruz ; Barh, D. ; SILVA, A. . Simplifier: the web tool to eliminate redundant NGS contigs. *Bioinformation (Online) (Chennai)*, v. 8, p. 996-999, 2012

- Azevedo, Vasco ; D'Afonseca, V ; Ali, ; Santos, Anderson ; Pinto, ; Magalhães, ; Faria, ; Barbosa, ; Guimarães, ; Eslabão, ; Almeida, ; Abreu, ; Neto, ; Carneiro, ; Cerdeira, Louise ; Ramos, Rommel ; Hirata-Jr, ; Mattos-Guaraldi, AL ; Trost, ; Tauch, ; Silva, ; Schneider, ; Miyoshi, ; Azevedo, Vasco . Reannotation of the *Corynebacterium diphtheriae* NCTC13129 genome as a new approach to studying gene targets connected to virulence and pathogenicity in diphtheria. *Open Access Bioinformatics*, v. 2012:4, p. 1-13, 2012

- Soares, Siomar C. ; Abreu, Vinícius A. C. ; Ramos, Rommel T. J. ; Cerdeira, Louise ; Silva, Artur ; Baumbach, Jan ; Trost, Eva ; Tauch, Andreas ; Hirata, Raphael ; Mattos-Guaraldi, Ana L. ; Miyoshi, Anderson ; Azevedo, Vasco . PIPS: Pathogenicity Island Prediction Software. *Plos One*, v. 7, p. e30848, 2012

- Lopes, T. Silva, A. Ramos, R. T. J. Carneiro, A. Dorella, F. A. Rocha, F. S. dos Santos, A. R. Lima, A. R. J. Guimaraes, L. C. Barbosa, E. G. V. Ribeiro, D. Fiaux, K. K. Diniz, C. A. A. de Abreu, V. A. C. de Almeida, S. S. Hassan, S. S. Ali, A. Bakhtiar, S. M. Aburjaile, F. F. PINTO, A. C. Soares, S. d. C. Pereira, U. d. P. Schneider, M. P. C. MIYOSHI, A. Edman, J. , et al. ;

Complete Genome Sequence of *Corynebacterium pseudotuberculosis* Strain Cp267, Isolated from a Llama. *Journal of Bacteriology* (Print), v. 194, p. 3567-3568, 2012  
 Ramos, R. T. J. ; PINTO, A. C. ; SILVA, W. M. ; Rocha, F. ; BARBOSA, M. S. R. ; Miyoshi, Anderson ; SCHNEIDER, Maria Paula Cruz ; Silva, Artur ; AZEVEDO, V. . The core stimulon of *Corynebacterium pseudotuberculosis* strain 1002 identified using ab initio methodologies. *INTEGR BIOL-UK*, v. 4, p. 1-5, 2012

- SANTOS, A. R. ; Carneiro, Adriana Ribeiro ; PINTO, A. C. ; Barh, D. ; Barbosa, E. G. V. ; ABURJAILE, F. ; Dorella, Fernanda A. ; Rocha, F. ; GUIMARÃES, L. C. ; Ramos, R. T. J. ; ALMEIDA, S. S. ; SOARES, S. ; Pereira U. ; ABREU, V. ; Silva, Artur ; MIYOSHI, A. ; AZEVEDO, V. . The *Corynebacterium pseudotuberculosis* in silico predicted pan-exoproteome. *BMC Genomics*, v. 13, p. S6, 2012

- Carneiro, Adriana Ribeiro ; Ramos, R. T. J. ; Cruz, A. C. R. ; Vasconcelos P. . Molecular characterisation of dengue virus type 1 reveals lineage replacement during circulation in Brazilian territory. *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz* (Impresso), v. 107, p. 805-812, 2012.

- Pethick Lainson, A. F. Flockhart, A. Smith, D. G. E. Donachie, W. CERDEIRA, L. T. SILVA, A. BOL, E. Lopes, T. S. Barbosa, M. S. PINTO, A. C. SANTOS, A. R. SOARES, S. ALMEIDA, S. S. GUIMARÃES, L. C. ABURJAILE, F. ABREU, V. Ribeiro, D. Fiaux K. Diniz, C. A. A. Barbosa, E. G. V. Pereira, U. P. Hassan, S. S. Ali, Amjad Bakhtiar, S. M. , et al. ; Complete Genome Sequences of *Corynebacterium pseudotuberculosis* Strains 3/99-5 and 42/02-A, Isolated from Sheep in Scotland and Australia, Respectively. *Journal of Bacteriology* (Print), v. 194, p. 4736-4737, 2012

- SÁ, P. H. C. G. ; PINTO, A. C. ; Ramos, R. T. J. ; COIMBRA, N.A.R ; BARAÚNA, R. A ; MELO, H. P. B. ; Carneiro, Adriana Ribeiro ; LIMA, A. R. J ; SANTOS, A. V. ; AZEVEDO, V. ; SCHNEIDER, Maria Paula Cruz ; Barh, D. ; SILVA, A. . FunSys: Software for functional for functional analysis of prokaryotic transcriptome and proteome. *Bioinformation* (Online) (Chennai), v. 8, p. 529-531, 2012.

- Ramos, R. T. J. ; Carneiro, Adriana R ; MELO, H. P. B. ; SCHNEIDER, Maria Paula Cruz ; Barh, D. ; AZEVEDO, V. ; SILVA, A. . Quality of

prokaryote genomes assembly: Indispensable issues of factors affecting prokaryote genome assembly quality. *Gene (Amsterdam)*, v. 12, p. 1-2, 2012

- Pethick, F. E. Lainson, A. F. Yaga, R. Flockhart, A. Smith, D. G. E. Donachie, W. Cerdeira, L. T. SILVA, A. SILVA, A. Bol, E. Lopes, T. S. Barbosa, M. S. Pinto, A. C. dos Santos, A. R. Soares, S. C. Almeida, S. S. Guimaraes, L. C. Aburjaile, F. F. Abreu, V. A. C. Ribeiro, D. Fiaux, K. K. Diniz, C. A. A. Barbosa, E. G. V. Pereira, U. P. Hassan, S. S. , et al. ; Complete Genome Sequence of *Corynebacterium pseudotuberculosis* Strain 1/06-A, Isolated from a Horse in North America. *Journal of Bacteriology (Print)*, v. 194, p. 4476-4476, 2012

- Hassan, S. S. ; SCHNEIDER, Maria Paula Cruz ; RAMOS, R. T. J. ; Carneiro, Adriana Ribeiro ; Azevedo, Vasco Ariston Carvalho ; SILVA, A. . Whole-Genome Sequence of *Corynebacterium pseudotuberculosis* Strain Cp162, Isolated from Camel. *Journal of Bacteriology (Print)*, v. 194, p. 5718-5719, 2012

- Ali, Amjad ; Soares, Siomar C. ; Santos, Anderson R. ; Guimarães, Luis C. ; Barbosa, Eudes ; Almeida, Sintia S. ; Abreu, Vinícius A.C. ; Carneiro, Adriana R. ; Ramos, Rommel T.J. ; Bakhtiar, Syeda M. ; Hassan, Syed S. ; Ussery, David W. ; On, Stephen ; Silva, Artur ; Schneider, Maria P. ; Lage, Andrey P. ; Miyoshi, Anderson ; Azevedo, Vasco . *Campylobacter fetus* subspecies: Comparative genomics and prediction of potential virulence targets. *Gene (Amsterdam)*, v. 508, p. 145-156, 2012.

- Casseb, S.M.M. ; Cardoso, J.F. ; Ramos, R. ; Carneiro, A. ; Nunes, M. ; Vasconcelos, P.F.C. ; SILVA, A. . Optimization of dengue virus genome assembling using GSFLX 454 pyrosequencing data: evaluation of assembling strategies. *Genetics and Molecular Research*, v. 11, p. 3688-3695, 2012.

- Gordo, Sheila M C ; Pinheiro, Daniel G ; Moreira, Edith CO ; Rodrigues, Simone M ; Poltronieri, Marli C ; De Lemos, Oriel F ; da Silva, Israel Tojal ; Ramos, Rommel TJ ; Silva, Artur ; Schneider, Horacio ; Silva, Wilson A ; Sampaio, Iracilda ; Darnet, Sylvain . High-throughput sequencing of black pepper root transcriptome. *BMC Plant Biology (Online)*, v. 12, p. 168, 2012

- Carneiro, A. R. Ramos, R. T. J. DALL'AGNOL, H. Pinto, A. C. de Castro Soares, S. SANTOS, A. R. Guimaraes, L. C. Almeida, S. S. BARAUNA, R. A. DAS GRACAS, D. A. FRANCO, L. C. Ali, A. Hassan, S. S. NUNES, C. I. P. Barbosa, M. S. Fiaux, K. K. Aburjaile, F. F. Barbosa, E. G. V. Bakhtiar, S. M. VILELA, D. NOBREGA, F. DOS SANTOS, A. L. CAREPO, M. S. P. Azevedo, V. Schneider, M. P. C. , et al. ; Genome Sequence of *Exiguobacterium antarcticum* B7, Isolated from a Biofilm in Ginger Lake, King George Island, Antarctica. *Journal of Bacteriology* (Print), v. 194, p. 6689-6690, 2012.
- SILVA, A. ; Ramos, R. T. J. ; RIBEIRO CARNEIRO, A. ; CYBELLE PINTO, A. ; de Castro Soares, S. ; RODRIGUES SANTOS, A. ; SILVA ALMEIDA, S. ; Guimaraes, L. C. ; FIGUEIRA ABURJAILE, F. ; VIEIRA BARBOSA, E. G. ; ALVES DORELLA, F. ; SOUZA ROCHA, F. ; SOUZA LOPES, T. ; KAWASAKI, R. ; GOMES SA, P. ; DA ROCHA COIMBRA, N. A. ; TEIXEIRA CERDEIRA, L. ; SILVANIRA BARBOSA, M. ; CRUZ SCHNEIDER, M. P. ; Miyoshi, A. ; SELIM, S. A. K. ; MOAWAD, M. S. ; Azevedo, V. . Complete Genome Sequence of *Corynebacterium pseudotuberculosis* Cp31, Isolated from an Egyptian Buffalo. *Journal of Bacteriology* (Print), v. 194, p. 6663-6664, 2012
- Ramos, R. T. J. ; SILVA, A. ; Carneiro, A. R. ; Pinto, A. C. ; Soares, S. d. C. ; SANTOS, A. R. ; Almeida, S. S. ; Guimaraes, L. C. ; Aburjaile, F. F. ; Barbosa, E. G. V. ; Dorella, F. A. ; Rocha, F. S. ; Cerdeira, L. T. ; Barbosa, M. S. ; Tauch, A. ; Edman, J. ; Spier, S. ; Miyoshi, A. ; Schneider, M. P. C. ; Azevedo, V. . Genome Sequence of the *Corynebacterium pseudotuberculosis* Cp316 Strain, Isolated from the Abscess of a Californian Horse. *Journal of Bacteriology* (Print), v. 194, p. 6620-6621, 2012
- Soares, Siomar C. ; Trost, Eva ; Ramos, Rommel T.J. ; Carneiro, Adriana R. ; Santos, Anderson R. ; Pinto, Anne C. ; Barbosa, Eudes ; ABURJAILE, FLÁVIA ; Ali, Amjad ; DINIZ, CARLOS A.A. ; Hassan, Syed S. ; FIAUX, KARINA ; Guimarães, Luis C. ; Bakhtiar, Syeda M. ; PEREIRA, ULISSES ; Almeida, Sintia S. ; Abreu, Vinícius A.C. ; ROCHA, FLÁVIA S. ; Dorella, Fernanda A. ; Miyoshi, Anderson ; Silva, Artur ; Azevedo, Vasco ; Tauch, Andreas . Genome sequence of *Corynebacterium*

pseudotuberculosis biovar equi strain 258 and prediction of antigenic targets to improve biotechnological vaccine production. *Journal of Biotechnology*, v. 1, p. 1, 2012

- Hassan, S. S. ; GUIMARÃES, L. C. ; Pereira U. ; Bakhtiar, Syeda M. ; Carneiro, Adriana Ribeiro ; Ramos, R. T. J. ; SILVA, A. ; AZEVEDO, V. . Complete genome sequence of *Corynebacterium pseudotuberculosis* biovar ovis strain P54B96 isolated from antelope in South Africa obtained by rapid next generation sequencing technology. *STAND GENOMIC SCI*, p. 2, 2012

- GRAÇAS, DIEGO A ; JESUS, EDERSON C ; FILHO, LUCIANO C F ; JR, RUBENS GUILHARDI ; BARBOSA, MARIA SR ; Ramos, Rommel Thiago Jucá ; LEÃO, TIAGO F ; BARAÚNA, RAFAEL A ; Schneider, Maria PC ; Silva, Artur . Changes in Microbial Communities along a Water Column in an Amazonian Flooded Area. *Aquatic Science and Technology*, v. 1, p. 1-2, 2012. Ramos, Rommel Thiago Jucá ; Carneiro, Adriana Ribeiro ; SOARES, SIOMAR DE CASTRO ; SANTOS, ANDERSON RODRIGUES DOS ; Almeida, Sintia ; Guimarães, Luis ; FIGUEIRA, FLÁVIA ; Barbosa, Eudes ; Tauch, Andreas ; Azevedo, Vasco ; Silva, Artur . Tips and tricks for the assembly of a *Corynebacterium pseudotuberculosis* genome using a semiconductor sequencer. *Microbial Biotechnology (Online)*, v. n/a, p. n/a-n/a, 2012

- Ruiz, Jerônimo C. D'Afonseca, Vivian Silva, Artur Ali, Amjad Pinto, Anne C. Santos, Anderson R. Rocha, Aryanne A. M. C. Lopes, Débora O. Dorella, Fernanda A. Pacheco, Luis G. C. Costa, Marcília P. Turk, Meritxell Z. Seyffert, Núbia Moraes, Pablo M. R. O. Soares, Siomar C. Almeida, Sintia S. Castro, Thiago L. P. Abreu, Vinicius A. C. Trost, Eva Baumbach, Jan Tauch, Andreas Schneider, Maria Paula C. McCulloch, John Cerdeira, Louise T. Ramos, R. T. J. , et al. ; Evidence for Reductive Genome Evolution and Lateral Acquisition of Virulence Functions in Two *Corynebacterium pseudotuberculosis* Strains. *Plos One*, v. 6, p. e18551, 2011

- Ramos, Rommel; Carneiro, AR; Baumbach, Jan; Azevedo, Vasco; Schneider, MPC; Silva, Artur. Analysis of quality raw data of second generation sequencers with Quality Assessment Software. *BMC Research Notes*, v. 4, p. 130, 2011



- Cerdeira, L. Teixeira; Carneiro, Adriana Ribeiro ; Ramos, Rommel Thiago Jucá ; de Almeida, Sintia Silva ; D'Afonseca, Vivian ; SCHNEIDER, Maria Paula Cruz ; Baumbach, Jan ; Tauch, Andreas ; McCulloch, John Anthony ; Azevedo, Vasco Ariston Carvalho ; Silva, Artur . Rapid hybrid de novo assembly of a microbial genome using only short reads: *Corynebacterium pseudotuberculosis* I19 as a case study. *Journal of Microbiological Methods*, p. xx-xx, 2011
- Stynen, APR. Lage, AP Moore, RJ. Rezende, AM Resende, VD d S. Ruy, P. d. C. Daher, N. Resende, D. d. M. de Almeida, S. S. Soares, S. d. C. de Abreu, V. A. C. Rocha, A. A. C. M. dos Santos, A. R. Barbosa, E. G. V. Costa, D. F. Dorella, F. A. MIYOSHI, A. de Lima, A. R. J. Campos, F. D. d. S. de Sa, P. G. Lopes, T. S. Rodrigues, R. M. A. Carneiro, A. R. Leao, T. CERDEIRA, L. T. , et al. ; Complete Genome Sequence of Type Strain *Campylobacter fetus* subsp. *venerealis* NCTC 10354T. *Journal of Bacteriology* (Print), v. 193, p. 5871-5872, 2011
- CERDEIRA, L. T. ; PINTO, A. C. ; Schneider, M. P. C. ; de Almeida, S. S. ; dos Santos, A. R. ; Barbosa, E. G. V. ; Ali, A. ; Barbosa, M. S. ; Carneiro, A. R. ; Ramos, R. T. J. ; de Oliveira, R. S. ; Barh, D. ; Barve, N. ; Zambare, V. ; Belchior, S. E. ; Guimaraes, L. C. ; de Castro Soares, S. ; Dorella, F. A. ; Rocha, F. S. ; de Abreu, V. A. C. ; Tauch, A. ; Trost, E. ; MIYOSHI, A. ; AZEVEDO, V. ; Silva, A. . Whole-Genome Sequence of *Corynebacterium pseudotuberculosis* PAT10 Strain Isolated from Sheep in Patagonia, Argentina. *Journal of Bacteriology* (Print), v. 193, p. 6420-6421, 2011
- CERDEIRA, L. T. Schneider, M. P. C. PINTO, A. C. de Almeida, S. S. dos Santos, A. R. Barbosa, E. G. V. Ali, A. Aburjaile, F. F. de Abreu, V. A. C. Guimaraes, L. C. Soares, S. d. C. Dorella, F. A. Rocha, F. S. BOL, E. Gomes de Sa, P. H. C. LOPES, T. S. Barbosa, M. S. Carneiro, A. R. Juca Ramos, R. T. Coimbra, N. A. d. R. Lima, A. R. J. Barh, D. Jain, N. Tiwari, S. Raja, R. , et al. ; Complete Genome Sequence of *Corynebacterium pseudotuberculosis* Strain CIP 52.97, Isolated from a Horse in Kenya. *Journal of Bacteriology* (Print), v. 193, p. 7025-7026, 2011

- Silva, A. ; Schneider, M. P. C. ; Cerdeira, L. ; Barbosa, M. S. ; Ramos, R. T. J. ; Carneiro, A. R. ; Santos, R. ; Lima, M. ; ALMEIDA, S. S. ; SANTOS, A. R. ; Soares, S. C. ; PINTO, A. C. ; Ali, A. ; Dorella, F. A. ; Rocha, F. ; de Abreu, V. A. C. ; Shpigel, N. ; MIYOSHI, A. ; AZEVEDO, V. . Complete Genome Sequence of *Corynebacterium pseudotuberculosis* I-19, strain isolated from Israel Bovine mastitis. *Journal of Bacteriology* (Print), v. 193, p. 323-324, 2010

**Linhas de Pesquisas:** Transcriptômica; Montagem de Genomas; Bioinformática; Tecnologias web para Integração de dados Biológicos;

**Currículo Lattes:** <http://lattes.cnpq.br/1274395392752454>

**Nome:** Rommel Mario Rodríguez Burbano

**Titulação:** PhD

**Publicações:**

- TORRES-MARTIN, M. ; LASSALETТА, L. ; SAN-RAMON-MONTERO, J. ; CAMPOS, J. M. ; ISLA, A. ; GAVILAN, J. ; MELÉNDEZ, B. ; PINTO, G. R. ; BURBANO, R. R. ; CASTRESANA, J. S. ; REY, J. A. . Microarray analysis of gene expression in vestibular schwannomas reveals SPP1/MET signaling pathway and androgen receptor deregulation. *International Journal of Oncology*, v. 42, p. 848-862, 2013
- BARROS, F. W. A. ; BEZERRA, D. P. ; FERREIRA, P. M. ; CAVALCANTI, B. C. ; CAVALCANTI, B. C. ; SILVA, T. G. ; PITTA, M. G. R. ; LIMA, M. C. A. ; GALDINO, S. L. ; PITTA, I. R. ; COSTA-LOTUFO, L. V. ; MORAES, M. O. ; BURBANO, R. R. ; GUECHEVA, T. N. ; HENRIQUES, J. A. P. ; PESSOA, C. . Inhibition of DNA topoisomerase I activity and induction of apoptosis by thiazacridine derivatives. *Toxicology and Applied Pharmacology*, v. 268, p. 37-46, 2013.
- PEREIRA, C. B. L. ; LEAL, M. F. ; SOUZA, C. R. T. ; MONTENEGRO, R. C. ; REY, J. A. ; CARVALHO, A. A. ;

ASSUMPÇÃO, P. P. ; KHAYAT, A. S. ; PINTO, G. R. ; DEMACHKI, S. ; SMITH, M. A. C. ; BURBANO, R. R. . Prognostic and Predictive Significance of MYC and KRAS Alterations in Breast Cancer from Women Treated with Neoadjuvant Chemotherapy. *Plos One*, v. 8, p. e60576, 2013.

- CALCAGNO, D. Q. ; GIGEK, C. O. ; CHEN, E. S. ; BURBANO, R. R. ; SMITH, M. A. C. . DNA and histone methylation in gastric carcinogenesis. *World Journal of Gastroenterology*, v. 9, p. 1182-1192, 2013

- ALCÂNTARA, D. F. Á. ; RIBEIRO, H. F. ; CARDOSO, P. C. S. ; ARAUJO, T. M. T. ; BURBANO, R. R. ; GUIMARÃES, A. C. ; KHAYAT, A. S. ; BAHIA, M. O. . In vitro evaluation of the cytotoxic and genotoxic effects of artemether, an antimalarial drug, in a gastric cancer cell line (PG100). *JAT. Journal of Applied Toxicology*, v. 33, p. 151-156, 2013

- BORGES, B. N. ; BURBANO, ROMMEL MARIO RODRIGUEZ ; HARADA, M. L. . Analysis of the methylation patterns of the p16 INK4A , p15 INK4B , and APC genes in gastric adenocarcinoma patients from a Brazilian population. *Tumor Biology*, v. 35, p. 1, 2013.

- BRASIL, I. C. ; ALENCAR, D. O. ; RAIOL-MORAES, M. ; PESSOA, I. A. ; BRITO, A. W. M. ; SCHNEYDER, J. R. ; SANTOS, S. E. B. ; Burbano, Rommel M. R. ; SANTOS, A. K. C. R. . Molecular Characterization of TP53 Gene in Human Populations Exposed to Low-Dose Ionizing Radiation. *BioMed Research International*, v. 2013, p. 1-9, 2013.

- BARROS, M. A. L. ; FERREIRA-FERNANDES, H ; BARROS, C. M. A. R. ; MOTTA, F. J. N. ; CANALLE, R. ; REY, J. A. ; BURBANO, R. R. ; YOSHIOKA, F. K. N. ; PINTO, G. R. . Brugada syndrome in a family with a high mortality rate: a case report. *Journal of Medical Case Reports*, v. 7, p. 78, 2013.

- TORRES-MARTIN, M. ; MARTINEZ-GLEZ, V. ; PENA-GRANERO, C. ; LASSALETTA, L. ; ISLA, A. ; CAMPOS, J. M. ; PINTO, G. R. ; BURBANO, R. R. ; MELÉNDEZ, B. ; CASTRESANA, J. S. ; REY, J. A. . Expression analysis of tumor-related genes involved in critical regulatory pathways in schwannomas. *CLIN TRANSL ONCOL*, v. 15, p. 409-411, 2013.

- FERREIRA-FERNANDES, H ; COSTA, P. N. ; FERNANDES, H. F. ; ARAUJO-NETO, A. P. ; MOTTA, F. J. N. ; CANALLE, R. ; YOSHIOKA, F. K.

N. ; GUERREIRO, J. F. ; BURBANO, R. R. ; REY, J. A. ; PINTO, G. R. . Prevalence of variants that confer risk for venous thromboembolism in an elderly population of northeastern Brazil. *Genetics and Molecular Research*, v. 12, p. Ahead of Print, 2013.

- FURUYA, T. K. ; CHEN, E. S. ; CHEN, E. S. ; OTA, V. K. A. ; MAZZOTTI, D. R. ; Ramos, Luiz Roberto ; CENDOROGLO, M. S. ; ARAÚJO, L. M. Q. ; BURBANO, R. R. ; SMITH, M. A. C. . Association of APOA1 and APOA5 polymorphisms and haplotypes with lipid parameters in a Brazilian elderly cohort. *Genetics and Molecular Research*, v. 12, p. 1-1, 2013.
- SOUZA, C. R. T. ; LEAL, M. F. ; CALCAGNO, D. Q. ; COSTA SOZINHO, E. K. ; BORGES, B. N. ; MONTENEGRO, R. C. ; SANTOS, A. K. C. R. ; SANTOS, S. E. B. ; RIBEIRO, H. F. ; ASSUMPÇÃO, P. P. ; SMITH, M. A. C. ; Burbano, Rommel Rodríguez . MYC Deregulation in Gastric Cancer and Its Clinicopathological Implications. *Plos One*, v. 8, p. e64420, 2013.

- TORRES-MARTIN, M. ; LASSALETТА, L. ; CAMPOS, J. M. ; ISLA, A. ; GAVILAN, J. ; PINTO, G. R. ; BURBANO, ROMMEL R. ; LATIF, F. ; MELÉNDEZ, B. ; CASTRESANA, J. S. ; REY, J. A. . Global Profiling in Vestibular Schwannomas Shows Critical Deregulation of MicroRNAs and Upregulation in Those Included in Chromosomal Region 14q32. *Plos One*, v. 8, p. e65868, 2013.

- TORRES-MARTIN, M. ; MARTINEZ-GLEZ, V. ; PENA-GRANERO, C. ; ISLA, A. ; LASSALETТА, L. ; CAMPOS, J. M. ; PINTO, G. R. ; BURBANO, R. R. ; MELENDEZ, B. ; CASTRESANA, J. S. ; REY, J. A. . Gene expression analysis of aberrant signaling pathways in meningiomas. *Oncology Letters*, v. 6, p. 275-279, 2013.

- MOREIRA, C. O. C. ; COSTA, J. F. F. B. ; LEAL, M. F. ; ANDRADE JR, E. F. ; REZENDE, A. P. ; IMBELONI, A. A. ; MUNIZ, J. A. P. C. ; SMITH, M. A. C. ; Burbano, Rommel Rodríguez ; ASSUMPÇÃO, P. P. . Lymphocyte proliferation stimulated by activated *Cebus apella* macrophages treated with a complex homeopathic immune response modifiers. *Homeopathy (Edinburgh. Print)*, v. 101, p. 74-79, 2012

- LEAL, M. F. ; CALCAGNO, D. Q. ; DEMACHKI, S. ; CHAMMAS, R. ; BURBANO, R. R. ; SMITH, M. A. C. . Clinical implication of 14-3-3 epsilon expression in gastric cancer. *World Journal of Gastroenterology*, v. 18, p. 1531-1537, 2012
- LAMARÃO, L. M. ; RAMOS, F. L. ; MELLO, W. A. ; SANTOS, M. C. ; BARBAGELATA, L. S. ; JUSTINO, M. C. A. ; SILVA, A. F. ; QUARESMA, A. J. P. G. ; SILVA, V. B. ; Burbano, Rommel Rodríguez ; LINHARES, A. C. . Prevalence and clinical features of respiratory syncytial virus in children hospitalized for community-acquired pneumonia in northern Brazil. *BMC Infectious Diseases (Online)*, v. 12, p. 119-123, 2012
- GIGEK, C. O. ; CHEN, E. S. ; CALCAGNO, D. Q. ; WISNIESKI, F. ; Burbano, Rommel Rodríguez ; SMITH, M. A. C. . Epigenetic mechanisms in gastric cancer. *EPIGENOMICS-UK*, v. 4, p. 279-294, 2012
- LEAL, M. F. ; CALCAGNO, D. Q. ; KHAYAT, A. S. ; SILVA, T. C. R. ; MUNIZ, J. A. P. C. ; ASSUMPÇÃO, P. P. ; SMITH, M. A. C. ; BURBANO, R. R. . hTERT and TP53 deregulation in intestinal-type gastric carcinogenesis in non-human primates.. *Clinical and Experimental Medicine (Testo stampato)*, v. x, p. x-x, 2012. SILVA, T. C. R. ; LEAL, M. F. ; CALCAGNO, D. Q. ; SOUZA, C. R. T. ; KHAYAT, A. S. ; SANTOS, N. P. C. ; MONTENEGRO, R. C. ; RABENHORST, S. H. B. ; NASCIMENTO, M. Q. ; ASSUMPÇÃO, P. P. ; SMITH, M. A. C. ; BURBANO, R. R. . hTERT, MYC and TP53 deregulation in gastric preneoplastic lesions. *BMC Gastroenterology (Online)*, v. 12, p. 85, 2012
- CARVALHO, R. M. ; PINTO, G. R. ; YOSHIOKA, F. K. N. ; LIMA, P. D. L. ; SOUZA, C. R. T. ; GUIMARÃES, A. C. ; LAMARÃO, L. M. ; REY, J. A. ; BURBANO, R. R. . Prognostic value of the TP53 Arg72Pro single-nucleotide polymorphism and susceptibility to medulloblastoma in a cohort of Brazilian patients. *Journal of Neuro-Oncology*, v. 10, p. 49-57, 2012.
- LEAL, M. F. ; ANTUNES, L. M. G. ; LAMARÃO, M. F. V. ; SILVA, C. E. A. ; SILVA, I. D. C. G. ; ASSUMPÇÃO, P. P. ; ANDRADE JR, E. F. ; REZENDE, A. P. ; IMBELONI, A. A. ; MUNIZ, J. A. P. C. ; PINTO, G. R. ; SMITH, M. A. C. ; Burbano, Rommel Rodríguez . The protective effect of

Canova homeopathic medicine in cyclophosphamide-treated non-human primates. *Food and Chemical Toxicology*, v. S0278, p. 675-678, 2012.

- LEAL, M. F. ; CHUNG, J. ; CALCAGNO, D. Q. ; ASSUMPÇÃO, P. P. ; DEMACHKI, S. ; SILVA, I. D. C. G. ; CHAMMAS, R. ; Burbano, Rommel Rodríguez ; SMITH, M. A. C. . Differential Proteomic Analysis of Noncardia Gastric Cancer from Individuals of Northern Brazil. *Plos One*, v. 7, p. e42255, 2012.

- FARIA, M. H. G. ; NEVES FILHO, E. H. C. ; ALVES, M. K. S. ; Burbano, Rommel M. R. ; MORAES, M. O. ; RABENHORST, S. H. B. . TP53 mutations in astrocytic gliomas: an association with histological grade, TP53 codon 72 polymorphism and p53 expression. *APMIS. Acta Pathologica, Microbiologica et Immunologica Scandinavica.*, v. 120, p. 882-889, 2012.

- PEREIRA, E. L. R. ; LIMA, P. D. L. ; KHAYAT, A. S. ; BAHIA, M. O. ; BEZERRA, F. S. ; ANDRADE-NETO, M. ; MONTENEGRO, R. C. ; PESSOA, C. ; COSTA-LOTUFO, L. V. ; MORAES, M. O. ; YOSHIOKA, F. K. N. ; PINTO, G. R. ; BURBANO, R. R. . Inhibitory effect of pisosterol on human glioblastoma cell lines with C-MYC amplification. *JAT. Journal of Applied Toxicology*, v. 31, p. 554-560, 2011.

- LEAL, M. F. ; CALCAGNO, D. Q. ; COSTA, J. F. F. B. ; SILVA, T. C. R. ; KHAYAT, A. S. ; CHEN, E. S. ; ASSUMPÇÃO, P. P. ; SMITH, M. A. C. ; BURBANO, R. R. . MYC, TP53, and Chromosome 17 Copy-Number Alterations in Multiple Gastric Cancer Cell Lines and in Their Parental Primary Tumors. *Journal of Biomedicine and Biotechnology (Print)*, v. 2011, p. 1-8, 2011

- SOMBRA, C. M. L. ; CAVALCANTI, B. C. ; MORAES, M. O. ; SANTOS, S. E. B. ; SANTOS, A. K. C. R. ; Rodríguez Burbano, Rommel ; PESSOA, C. . Genetic biomonitoring of inhabitants exposed to uranium in the north region of Brazil. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, v. 74, p. 1402-1407, 2011. COSTA, J. F. F. B. ; LEAL, M. F. ; MUNIZ, J. A. P. C. ; SILVA, T. C. R. ; ANDRADE JR, E. F. ; REZENDE, A. P. ; LACRETA JUNIOR, A. C. C. ; ASSUMPÇÃO, P. P. ; CALCAGNO, D. Q. ; DEMACHKI, S. ; RABENHORST, S. H. B. ; SMITH, M. A. C. ; BURBANO, R. R. .

Experimental Gastric Carcinogenesis in *Cebus apella* Nonhuman Primates. Plos One, v. 6, p. e21988, 2011

- BORGES, B. N. ; BURBANO, R. R. ; HARADA, M. L. . Survivin -31C/G polymorphism and gastric cancer risk in a Brazilian population. Clinical and Experimental Medicine (Testo stampato), v. 11, p. 189-193, 2011
- MOTA, T. C. ; CARDOSO, P. C. S. ; GOMES, L. M. ; VIEIRA, P. C. M. ; CORRÊA, R. M. S. ; SANTANA, P. D. P. B. ; MIRANDA, M. S. ; Burbano, Rommel M. R. ; BAHIA, M. O. . In vitro evaluation of the genotoxic and cytotoxic effects of artesunate, an antimalarial drug, in human lymphocytes. Environmental and Molecular Mutagenesis (Print), v. 52, p. 590-594, 2011.
- OTA, V. K. A. ; CHEN, E. S. ; EJCHEL, T. F. ; FURUYA, T. K. ; ARAUJO, T. M. T. ; CENDOROGLO, M. S. ; RAMOS, L. R. ; ARAÚJO, L. M. Q. ; BURBANO, R. R. ; SMITH, M. A. C. . APOA4 Polymorphism as a Risk Factor for Unfavorable Lipid Serum Profile and Depression: A Cross-Sectional Study. Journal of Investigative Medicine, v. 59, p. 966-970, 2011
- ROCHA, C. A. M. ; CAVALCANTI, B. C. ; PESSOA, C. ; CUNHA, L. A. ; PINHEIRO, R. H. ; BAHIA, M. O. ; RIBEIRO, H. F. ; CESTARI, M. M. ; BURBANO, R. R. . Comet assay and micronucleus test in circulating erythrocytes of *Aequidens tetramerus* exposed to methylmercury.. In Vivo (Athens), v. 26, p. 929-933, 2011
- ROCHA, C. A. M. ; CUNHA, L. A. ; PINHEIRO, R. H. ; BAHIA, M. O. ; BURBANO, R. R. . Studies of micronuclei and other nuclear abnormalities in red blood cells of *Colossoma macropomum* exposed to methylmercury.. Genetics and Molecular Biology (Impresso), v. 34, p. 694-697, 2011
- MAGALHÃES, H. I. F. ; CAVALCANTI, B. C. ; BEZERRA, D. P. ; WILKE, D. V. ; PAIVA, J. C. G. ; ROTTA, R. ; DE LIMA, D. P. ; BEATRIZ, A. ; BURBANO, R. R. ; COSTA-LOTUFO, L. V. ; MORAES, M. O. ; PESSOA, C. . Assessment of genotoxic effects of (4-methoxyphenyl)(3,4,5-trimethoxyphenyl)methanone in human lymphocytes. Toxicology in Vitro, v. 25, p. 2048-2053, 2011.
- LIMA, P. D. L. ; MONTENEGRO, R. C. ; BAHIA, M. O. ; ANTUNES, L. M. G. ; COSTA, E. T. ; VASCONCELLOS, M. C. ; BURBANO, R. R. . Genotoxic effects of aluminum, iron and manganese in human cells and

experimental systems: A review of the literature. Human & Experimental Toxicology, v. 30, p. 1435-1444, 2011

- GIGEK, C. O. ; LISBOA, L. C. F. ; LEAL, M. F. ; SILVA, P. N. O. ; LIMA, E. M. ; KHAYAT, A. S. ; BURBANO, R. R. ; ASSUMPÇÃO, P. P. ; SMITH, M. A. C. . SMARCA5 Methylation and Expression in Gastric Cancer. Cancer Investigation, v. 29, p. 162-166, 2011

- CHEN, E. S. ; MAZZOTTI, D. R. ; FURUYA, T. K. ; CENDOROGLO, M. S. ; RAMOS, L. R. ; ARAÚJO, L. M. Q. ; BURBANO, R. R. ; SMITH, M. A. C. . Association of PPAR $\gamma$  gene polymorphisms and lipid serum levels in a Brazilian elderly population. Experimental and Molecular Pathology (Print), v. 88, p. 197-201, 2010

- SILVA, T. C. R. ; LIMA, P. D. L. ; BAHIA, M. O. ; KHAYAT, A. S. ; BEZERRA, F. S. ; ANDRADE-NETO, M. ; SEABRA, A. D. ; PONTES, T. B. ; MORAES, M. O. ; MONTENEGRO, R. C. ; COSTA-LOTUFO, L. V. ; PESSOA, C. ; PINTO, G. R. ; BURBANO, R. R. . Pisosterol induces interphase arrest in HL60 cells with C-MYC amplification. Human & Experimental Toxicology, v. 29, p. 235-240, 2010

- GIGEK, C. O. ; LEAL, M. F. ; LISBOA, L. C. F. ; SILVA, P. N. O. ; CHEN, E. S. ; LIMA, E. M. ; CALCAGNO, D. Q. ; ASSUMPÇÃO, P. P. ; BURBANO, R. R. ; SMITH, M. A. C. . Insulin-like growth factor binding protein-3 gene methylation and protein expression in gastric adenocarcinoma. Growth Hormone & IGF Research, v. 20, p. 234-238, 2010
- GUIMARÃES, A. C. ; ANTUNES, L. M. G. ; RIBEIRO, H. F. ; SANTOS, A. K. C. R. ; CARDOSO, P. C. S. ; LIMA, P. D. L. ; SEABRA, A. D. ; PONTES, T. B. ; PESSOA, C. ; MORAES, M. O. ; CAVALCANTI, B. C. ; SOMBRA, C. M. L. ; BAHIA, M. O. ; BURBANO, R. R. . Cytogenetic biomonitoring of inhabitants of a large uranium mineralization area: the municipalities of Monte Alegre, Prainha, and Alenquer, in the State of Pará, Brazil. Cell Biology and Toxicology, v. 26, p. 403-419, 2010

- CHEN, E. S. ; FURUYA, T. K. ; MAZZOTTI, D. R. ; OTA, V. K. A. ; CENDOROGLO, M. S. ; RAMOS, L. R. ; ARAÚJO, L. M. Q. ; BURBANO, R. R. ; SMITH, M. A. C. . APOA1/A5 Variants and Haplotypes as a Risk Factor



for Obesity and Better Lipid Profiles in a Brazilian Elderly Cohort. *Lipids*, v. 45, p. 511-517, 2010

- MORAES, L. S. ; KHAYAT, A. S. ; LIMA, P. D. L. ; LIMA, E. M. ; PINTO, G. R. ; LEAL, M. F. ; SMITH, M. A. C. ; BURBANO, R. R. . Chromosome X Aneuploidy in Brazilian Schizophrenic Patients. *In Vivo* (Athens), v. 24, p. 281-286, 2010

- CAVALCANTI, B. C. ; FERREIRA, J. R. O. ; MOURA, D. J. ; ROSA, R. M. ; FURTADO, G. V. ; BURBANO, R. R. ; SILVEIRA, E. R. ; LIMA, M. A. S. ; DA CAMARA, C.A.G. ; SAFFI, J. ; HENRIQUES, J. A. P. ; RAO, V. S. ; COSTA-LOTUFO, L. V. ; MORAES, M. O. ; PESSOA, C. . Structure mutagenicity relationship of kaurenoic acid from *Xylopia sericeae* (Annonaceae). *Mutation Research. Genetic Toxicology and Environmental Mutagenesis*, v. 701, p. 153-163, 2010

- BORGES, B. N. ; BURBANO, R. R. ; HARADA, M. L. . Absence of CIP1/KIP1 Hypermethylation in Gastric Cancer Patients from Northern Brazil.. *In Vivo* (Athens), v. 24, p. 579-582, 2010.

- BORGES, B. N. ; SANTOS, E. S. ; BASTOS, C. E. M. C. ; PINTO, L. C. ; ANSELMO, N. P. ; QUARESMA, J. A. S. ; CALCAGNO, D. Q. ; BURBANO, R. R. ; HARADA, M. L. . Promoter polymorphisms and methylation of E-cadherin (CDH1) and KIT in gastric cancer patients from northern Brazil. *Anticancer Research*, v. 30, p. 2225-2233, 2010

- RIBEIRO, H. F. ; ALCÂNTARA, D. F. Á. ; MATOS, L. A. ; SOUSA, J. M. C. ; LEAL, M. F. ; SMITH, M. A. C. ; Burbano, R.R. ; BAHIA, M. O. . Cytogenetic characterization and evaluation of c-MYC gene amplification in PG100, a new Brazilian gastric cancer cell line. *Brazilian Journal of Medical and Biological Research* (Impresso), v. 43, p. 717-721, 2010

- CALCAGNO, D. Q. ; LEAL, M. F. ; DEMACHKI, S. ; ARAUJO, M. T. F. ; FREITA, F. W. ; SOUZA, D. O. ; ASSUMPÇÃO, P. P. ; ISHAK, G. ; SMITH, M. A. C. ; BURBANO, R. R. . MYC in gastric carcinoma and intestinal metaplasia of young adults. *Cancer Genetics and Cytogenetics*, v. 202, p. 63-66, 2010

- SANTOS, A. K. C. R. ; KHAYAT, A. S. ; SILVA, A. L. C. ; ALENCAR, D. O. ; LOBATO, J. ; LUZ, L. ; PINHEIRO, D. G. ; VARUZZA, L. ;

ASSUMPÇÃO, M. B. ; ASSUMPÇÃO, P. P. ; SANTOS, S. E. B. ; ZANETTE, D. L. ; SILVA, W. A. Jr. ; BURBANO, R. R. ; DARNET, S. . Ultra-Deep Sequencing Reveals the microRNA Expression Pattern of the Human Stomach. *Plos One*, v. 5, p. e13205, 2010

- BURBANO, R. R. ; LEAL, M. F. ; COSTA, J. F. F. B. ; BAHIA, M. O. ; LIMA, P. D. L. ; KHAYAT, A. S. ; SELIGMANN, I. C.A. ; ASSUMPÇÃO, P. P. ; BUCHI, D. F. ; SMITH, M. A. C. . Lymphocyte proliferation stimulated by activated human macrophages treated with Canova. *Homeopathy* (Edinburgh), v. 98, p. 45-48, 2009

- ROCHA, C. A. M. ; LIMA, P. D. L. ; SANTOS, R. A. ; BURBANO, R. R. . Evaluation of Genotoxic Effects of Xenobiotics in Fishes Using Comet Assay A Review. *Reviews in Fisheries Science*, v. 17, p. 170-173, 2009.

- TAKENO, S. S. ; LEAL, M. F. ; LISBOA, L. C. F. ; LIPAY, M. V. ; KHAYAT, A. S. ; ASSUMPÇÃO, P. P. ; BURBANO, R. R. ; SMITH, M. A. C. . Genomic alterations in diffuse-type gastric cancer as shown by high-resolution comparative genomic hybridization. *Cancer Genetics and Cytogenetics*, v. 190, p. 1-7, 2009

- BURBANO, R. R. ; LIMA, P. D. L. ; BAHIA, M. O. ; KHAYAT, A. S. ; SILVA, T. C. R. ; BEZERRA, F. S. ; ANDRADE-NETO, M. ; MORAES, M. O. ; MONTENEGRO, R. C. ; COSTA-LOTUFO, L. V. ; PESSOA, C. . Cell cycle arrest induced by pisosterol in HL60 cells with gene amplification.. *Cell Biology and Toxicology*, v. 25, p. 245-251, 2009

- CHEN, E. S. ; MAZZOTTI, D. R. ; FURUYA, T. K. ; CENDOROGLIO, M. S. ; RAMOS, L. R. ; ARAÚJO, L. M. Q. ; BURBANO, R. R. ; SMITH, M. A. C. . Apolipoprotein A1 gene polymorphisms as risk factors for hypertension and obesity. *Clinical and Experimental Medicine* (Testo stampato), v. 9, p. 319-325, 2009

- CALCAGNO, D. Q. ; GUIMARÃES, A. C. ; LEAL, M. F. ; SEABRA, A. D. ; KHAYAT, A. S. ; PONTES, T. B. ; ASSUMPÇÃO, P. P. ; SMITH, M. A. C. ; BURBANO, R. R. . MYC Insertions in Diffuse-type Gastric Adenocarcinoma. *Anticancer Research*, v. 29, p. 2479-2483, 2009

- ROCHA, C. A. M. ; SANTOS, R. A. ; BAHIA, M. O. ; CUNHA, L. A. ; RIBEIRO, H. F. ; BURBANO, R. R. . The Micronucleus Assay in Fish

Species as an Important Tool for Xenobiotic Exposure Risk Assessment A Brief Review and an Example Using Neotropical Fish Exposed To Methylmercury. Reviews in Fisheries Science, v. 17, p. 478-484, 2009

- SILVESTRE, R. V. D. ; LEAL, M. F. ; DEMACHKI, S. ; NAHUM, M. C. S. ; BERNARDES, J. G. B. ; RABENHORST, S. H. B. ; SMITH, M. A. C. ; MELLO, W. A. ; GUIMARÃES, A. C. ; BURBANO, R. R. . Low frequency of human papillomavirus detection in prostate tissue from individuals from Northern Brazil. Memórias do Instituto Oswaldo Cruz (Impresso), v. 104, p. 665-667, 2009
- LEAL, M. F. ; NASCIMENTO, J. L. M. ; SILVA, C. E. A. ; LAMARÃO, M. F. V. ; CALCAGNO, D. Q. ; KHAYAT, A. S. ; ASSUMPÇÃO, P. P. ; CABRAL, I. R. ; SMITH, M. A. C. ; BURBANO, R. R. . Establishment and conventional cytogenetic characterization of three gastric cancer cell lines. Cancer Genetics and Cytogenetics, v. 195, p. 85-91, 2009
- GIGEK, C. O. ; LEAL, M. F. ; SILVA, P. N. O. ; LISBOA, L. C. F. ; LIMA, E. M. ; CALCAGNO, D. Q. ; ASSUMPÇÃO, P. P. ; Burbano, Rommel Rodriguez ; SMITH, M. A. C. . methylation and expression in gastric cancer. Biomarkers (London), v. 14, p. 630-636, 2009
- KHAYAT, A. S. ; GUIMARÃES, A. C. ; CALCAGNO, D. Q. ; SEABRA, A. D. ; LIMA, E. M. ; LEAL, M. F. ; FARIA, M. H. G. ; RABENHORST, S. H. B. ; ASSUMPÇÃO, P. P. ; DEMACHKI, S. ; SMITH, M. A. C. ; BURBANO, R. R. . Interrelationship between TP53 gene deletion, protein expression and chromosome 17 aneusomy in gastric adenocarcinoma. BMC Gastroenterology (Online), v. 9, p. 55, 2009
- PINTO, G. R. ; YOSHIOKA, F. K. N. ; CLARA, C. A. ; SANTOS, M. J. ; ALMEIDA, J. R. W. ; BURBANO, R. R. ; REY, J. A. ; CASARTELLI, C. . Association study of an epidermal growth factor gene functional polymorphism with the risk and prognosis of gliomas in Brazil.. The International Journal of Biological Markers (Testo stampato), v. 24, p. 277-281, 2009

**Linhas de Pesquisas:** Genética Humana e Médica; Oncologia; Mutagênese;

**Currículo Lattes:** <http://lattes.cnpq.br/4362051219348099>

---

**Nome:** Vinicius de Albuquerque Sortica

**Titulação:** PhD

**Publicações:**

- Suarez-Kurtz, Guilherme ; Sortica, Vinicius A. ; Vargens, Daniela D. ; Bruxel, Estela M. ; Petz-Erler, Maria-Luiza ; Tsuneto, Luisa T. ; Hutz, Mara H. . Impact of population diversity on the prediction of 7-SNP NAT2 phenotypes using the tagSNP rs1495741 or paired SNPs. *Pharmacogenetics and Genomics* (Print), v. 22, p. 305-309, 2012
- Sortica, Vinicius A. ; Fiegenbaum, Marilu ; Lima, Luciana O. ; Van der Sand, Cézar R. ; Van der Sand, Luis C. ; Ferreira, Maria E.W. ; Pires, Renan C. ; Hutz, Mara H. . SLCO1B1 gene variability influences lipid-lowering efficacy on simvastatin therapy in Southern Brazilians. *Clinical Chemistry and Laboratory Medicine*, v. 50, p. 441-448, 2012
- Suarez-Kurtz, Guilherme ; Vargens, Daniela D ; Sortica, Vinicius A ; Hutz, Mara H . Accuracy of NAT2 SNP genotyping panels to infer acetylator phenotypes in African, Asian, Amerindian and admixed populations. *Pharmacogenomics* (London), v. 13, p. 851-854, 2012
- Sortica, Vinicius A ; CUNHA, MARISTELA G ; OHNISHI, MARIA DEISE ; SOUZA, JOSE M ; RIBEIRO-DOS-SANTOS, ÂNDREA KC ; SANTOS, NEY PC ; CALLEGARI-JACQUES, SÍDIA M ; SANTOS, SIDNEY EB ; Hutz, Mara H . IL1B, IL4R, IL12RB1 and TNF gene polymorphisms are associated with plasmodium vivax malaria in Brazil. *Malaria Journal* (Online), v. 11, p. 409, 2012.
- Pena, Sérgio D. J. ; Di Pietro, Giuliano ; Fuchshuber-Moraes, Mateus ; Genro, Julia Pasqualini ; Hutz, Mara H. ; Kehdy, Fernanda de Souza Gomes ; Kohlrausch, Fabiana ; Magno, Luiz Alexandre Viana ; Montenegro, Raquel Carvalho ; Moraes, Manoel Odorico ; Moraes, Maria Elisabete Amaral de ; Moraes, Milene Raiol de ; Ojopi, Élide B. ; Perini, Jamila A. ; Racciopi, Clarice ; Ribeiro-dos-Santos, Ândrea Kely Campos ; Rios-Santos, Fabrício ;

Romano-Silva, Marco A. ; SORTICA, V. A. ; Suarez-Kurtz, Guilherme . The Genomic Ancestry of Individuals from Different Geographical Regions of Brazil Is More Uniform Than Expected. Plos One, v. 6, p. e17063, 2011

- Sortica, Vinicius A. ; Ojopi, Elida B. ; Genro, Júlia P. ; Callegari-Jacques, Sidia ; Ribeiro-dos-Santos, Ândrea ; de Moraes, Manoel Odorico ; Romano-Silva, Marco A. ; Pena, Sérgio D. J. ; Suarez-Kurtz, Guilherme ; HUTZ, M. H. . Influence of Genomic Ancestry on the Distribution of SLCO1B1, SLCO1B3 and ABCB1 Gene Polymorphisms among Brazilians. Basic & Clinical Pharmacology & Toxicology (Print), v. na, p. no-no, 2011

**Linhas de Pesquisas:** Genética Populacional; Genética Humana e Médica; Imunologia

**Currículo Lattes:** <http://lattes.cnpq.br/2046482071071824>

---

**Nome:** Igor Guerreiro Hamoy

**Titulação:** PhD

**Publicações:**

- AGOSTINI, CECILIA ALBALADEJO, R. G. APARICIO, A. ARTHOFER, WOLFGANG BERREBI, P. BOAG, PETER T. CARBONE, IGNAZIO CONROY, GABRIEL C. CORTESERO, A. M. COSTA GONÇALVES, EVONNILDO COSTA, DIOGO COUTO, ALVARINA DE GIROLAMO, MIRKO DU, HAO FU, SHI-JIAN GARRIDO-GARDUÑO, T. GETTOVÁ, L. GILLES, A. GUERREIRO HAMOY, IGOR HERRERA, C. M. HEUSSLER, CARINA ISIDRO, EDUARDO JOSSO, C. KRAPF, PATRICK LAMONT, ROBERT W. , et al. ; Permanent Genetic Resources added to Molecular Ecology Resources Database 1 April 2013-31 May 2013. Molecular Ecology Resources (Print), v. 13, p. 966-968, 2013.
- Hamoy, I.G. ; Santos, S. . Short Communication Multiplex PCR panel of microsatellite markers for the tambaqui, *Colossoma macropomum*, developed as a tool for use in conservation and broodstock management. Genetics and Molecular Research, v. 11, p. 141-146, 2012.

- Hamoy, Igor Guerreiro ; Cidade, Fernanda Witt ; Barbosa, Maria Silvanira ; Gonçalves, Evonnildo Costa ; Santos, Sidney . Isolation and characterization of tri and tetranucleotide microsatellite markers for the tambaqui (*Colossoma macropomum*, Serrasalminidae, Characiformes). Conservation Genetics Resources (Print), v. 3, p. 33-36, 2011.
- Plautz, Helio Longoni ; Tavares, Livia Simone Alves ; Da Silva, Moises Batista ; Yamano, Suellen Sirleide Pereira ; Da Costa, Patricia Fagundes ; Hamoy, Igor Guerreiro ; Marinho, Anderson Nonato Do Rosario ; Santos, Andrea Kely Campos Ribeiro Dos ; Salgado, Ubirajara Imbiriba ; Da Silva, Jorge Pereira . Enzymatic isolation of *Lacazia loboi* cells from skin lesions of lobomycosis . Medical Mycology (Oxford. Print), v. 47, p. 119-123, 2009.

**Linhas de Pesquisas:** Genética Populacional; Expressão de miRNA; Biologia Computacional

**Currículo Lattes:** <http://lattes.cnpq.br/8911516573302586>

---

**Nome:** Aldebaro Barreto da Rocha Klautau Júnior

**Titulação:** PhD

**Publicações:**

- RODRIGUES, R. ; Junior, Claudomiro de Souza de Sales ; Klautau, Aldebaro ; ERICSON, Klas ; Costa, João . Transfer Function Estimation of Telephone Lines from Input Impedance Measurements. IEEE Transactions on Instrumentation and Measurement, v. 99, p. 1-12, 2012.
- SOUSA CORREA, ILAN ; COELHO FREITAS, LILIAN ; WEYL ALBUQUERQUE COSTA, JOAO CRISOSTOMO ; Klautau, Aldebaro . VHDL Implementation of a Flexible and Synthesizable FFT Processor. Revista IEEE América Latina, v. 10, p. 1180-1183, 2012.
- SAMPAIO NETO, Nelson Cruz ; SILVA, C. P. A. ; Klautau, Aldebaro ; TRANCOSO, I. . Free Tools and Resources for Brazilian Portuguese Speech Recognition. Journal of the Brazilian Computer Society (Impresso), v. 17, p. 1-53, 2011.

- João E Neto ; SEISDEDOS, C. V. ; REYES, E. M. ; Klautau, Aldebaro ; OLIVEIRA, R. L. . New approach for T-wave end detection on electrocardiogram: Performance in noisy conditions. Biomedical Engineering Online (Online), v. 10, p. 77, 2011.
- Lindqvist, Neiva ; Lindqvist, Fredrik ; Monteiro, Marcio ; Dortschy, Boris ; Pelaes, Evaldo ; Klautau, Aldebaro . Impact of Crosstalk Channel Estimation on the DSM Performance for DSL Networks. EURASIP Journal on Advances in Signal Processing (Print), v. 2010, p. 1-12, 2010.
- Bezerra, Johelden ; Klautau, Aldebaro ; Monteiro, Marcio ; Pelaes, Evaldo ; Medeiros, Eduardo ; Dortschy, Boris . An Evolutionary Algorithm for Improved Diversity in DSL Spectrum Balancing Solutions. EURASIP Journal on Advances in Signal Processing (Print), v. 2010, p. 1-12, 2010.
- Sales, Claudomiro ; Rodrigues, Roberto M. ; Lindqvist, Fredrik ; Costa, João ; Klautau, Aldebaro ; ERICSON, Klas ; i Riu, Jaume Rius ; Borjesson, Per Ola . Line Topology Identification using Multiobjective Evolutionary Computation. IEEE Transactions on Instrumentation and Measurement, v. 59, p. 715-729, 2010.
- Moraes, Rodrigo B. ; Dortschy, Boris ; Klautau, Aldebaro ; i Riu, Jaume Rius . Semiblind Spectrum Balancing for DSL. IEEE Transactions on Signal Processing, v. 58, p. 3717-3727, 2010.
- Moraes, Jefferson ; PIRES, Yomara ; Cardoso Jr., Claudomir ; Klautau, Aldebaro . A Framework for Evaluating Automatic Classification of Underlying Causes of Disturbances and Its Application to Short-Circuit Faults. IEEE Transactions on Power Delivery, v. 25, p. 2083-2094, 2010.
- MULLER, Francisco Carlos Bentes Frey ; Cardoso Jr., Claudomir ; Klautau, Aldebaro . A Front End for Discriminative Learning in Automatic Modulation Classification. IEEE Communications Letters (Print), v. 15, p. 443-445, 2010.

**Linhas de Pesquisas:** Inteligência Computacional

**Currículo Lattes:** <http://lattes.cnpq.br/1596629769697284>

---

**Nome:** Roberto Célio Limão de Oliveira

**Titulação:** PhD

**Publicações:**

- Leite, Jandecy Cabral ; Abril, Ignacio Perez ; de Lima Tostes, Maria Emília ; Limão de Oliveira, Roberto Célio . Frequency scan on a phase-coordinates frame for unbalanced systems. Electric Power Systems Research (Print), v. 93, p. 113-119, 2012.
- Moreira, R. S. ; Monteiro, G. D. ; TEIXEIRA, Otávio Noura ; OLIVEIRA, R. C. L. . Retroviral Iterative Genetic Algorithm for Real Parameter Function Optimization Problems. Lecture Notes in Computer Science, v. 6382, p. 220-228, 2011.
- Vázquez-Seisdedos, Carlos R ; Neto, João ; Marañón Reyes, Enrique J ; Klautau, Aldebaro ; OLIVEIRA, R. C. L. . New approach for T-wave end detection on electrocardiogram: Performance in noisy conditions. BioMedical Engineering Online (Online), v. 10, p. 77-87, 2011.
- Souza, A. M. F. ; Affonso, C. M. ; SOARES, Fábio ; OLIVEIRA, R. C. L. . Sensor Virtual Neural para Estimação de Flúor em Alumina no Processo de Fabricação de Alumínio Primário. Learning and Nonlinear Models, v. 9, p. 157-167, 2011.
- SOARES, Fábio ; OLIVEIRA, R. C. L. . Inferência de Temperatura de Fornos de Redução de Alumínio Primário por meio de Sensores Virtuais Neurais. Learning and Nonlinear Models, v. 8, p. 41-51, 2010.
- Moreira, R. S. ; TEIXEIRA, Otávio Noura ; OLIVEIRA, R. C. L. . Mixing Theory of Retroviruses and Genetic Algorithm to Build a New Nature-Inspired Meta-Heuristic for Real-Parameter Function Optimization Problems. Journal of Research and Development in Computer Science and Engineering PoliBits, v. 42, p. 65-70, 2010.
- Machado, R. N. M. ; BEZERRA, Ubiratan Holanda ; PELAES, E. G. ; OLIVEIRA, R. C. L. ; TOSTES, M. E. . Uso da Transformada Wavelet e Rede Neural Regressiva Generalizada (GRNN) para a Caracterização de Variações de Tensão de Curta Duração em Sistemas Elétricos de Potência. Revista IEEE América Latina, v. 7, p. 217-222, 2009.



**Linhas de Pesquisas:** Redes Neurais; Inteligência Computacional

**Currículo Lattes:** <http://lattes.cnpq.br/4497607460894318>

---

**Nome:** Ronaldo de Freitas Zampolo

**Titulação:** PhD

**Publicações:**

- Leite, Jandecy Cabral ; Abril, Ignacio Perez ; de Lima Tostes, Maria Emília ; Limão de Oliveira, Roberto Célio . Frequency scan on a phase-coordinates frame for unbalanced systems. Electric Power Systems Research (Print), v. 93, p. 113-119, 2012.
- Moreira, R. S. ; Monteiro, G. D. ; TEIXEIRA, Otávio Noura ; OLIVEIRA, R. C. L. . Retroviral Iterative Genetic Algorithm for Real Parameter Function Optimization Problems. Lecture Notes in Computer Science, v. 6382, p. 220-228, 2011.
- Vázquez-Seisdedos, Carlos R ; Neto, João ; Marañón Reyes, Enrique J ; Klautau, Aldebaro ; OLIVEIRA, R. C. L. . New approach for T-wave end detection on electrocardiogram: Performance in noisy conditions. BioMedical Engineering Online (Online), v. 10, p. 77-87, 2011.
- Souza, A. M. F. ; Affonso, C. M. ; SOARES, Fábio ; OLIVEIRA, R. C. L. . Sensor Virtual Neural para Estimação de Flúor em Alumina no Processo de Fabricação de Alumínio Primário. Learning and Nonlinear Models, v. 9, p. 157-167, 2011.
- SOARES, Fábio ; OLIVEIRA, R. C. L. . Inferência de Temperatura de Fornos de Redução de Alumínio Primário por meio de Sensores Virtuais Neurais. Learning and Nonlinear Models, v. 8, p. 41-51, 2010.
- Moreira, R. S. ; TEIXEIRA, Otávio Noura ; OLIVEIRA, R. C. L. . Mixing Theory of Retroviruses and Genetic Algorithm to Build a New Nature-

Inspired Meta-Heuristic for Real-Parameter Function Optimization Problems. Journal of Research and Development in Computer Science and Engineering PoliBits, v. 42, p. 65-70, 2010.

- Machado, R. N. M. ; BEZERRA, Ubiratan Holanda ; PELAES, E. G. ; OLIVEIRA, R. C. L. ; TOSTES, M. E. . Uso da Transformada Wavelet e Rede Neural Regressiva Generalizada (GRNN) para a Caracterização de Variações de Tensão de Curta Duração em Sistemas Elétricos de Potência. Revista IEEE América Latina, v. 7, p. 217-222, 2009.

**Linhas de Pesquisas:** Inteligência Computacional; Redes Neurais;

**Currículo Lattes:** <http://lattes.cnpq.br/4497607460894318>

---

**Nome:** Cláudio Alex Jorge da Rocha

**Titulação:** PhD

**Publicações:**

- BRITO, SILVANA ROSSY ; SILVA, ALEKSANDRA DO SOCORRO ; MARTINS, DALTON LOPES ; VIJAYKUMAR, NANDAMUDI LANKALAPALLI ; Rocha, Cláudio Alex Jorge ; COSTA, JOÃO CRISÓSTOMO WEYL ALBUQUERQUE ; FRANCÊS, CARLOS RENATO LISBOA . Employing online social networks to monitor and evaluate training of digital inclusion agents. Social Network Analysis and Mining, v. 3, p. 1-23, 2013.
- Santana, Ádamo L. ; Conde, Guilherme B. ; Rego, Liviane P. ; Rocha, Cláudio A. ; Cardoso, Diego L. ; Costa, João C.W. ; Bezerra, Ubiratan H. ; Francês, Carlos R.L. . PREDICT Decision support system for load forecasting and inference: A new undertaking for Brazilian power suppliers. International Journal of Electrical Power & Energy Systems, v. 38, p. 33-45, 2012.
- REGO, L ; DESANTANA, A ; CONDE, G. ; Silva, Marcelino ; ROCHA, C ; Francês, C. R. L. . Comparative Analyses of Computational Intelligence

Models for Load Forecasting: A Case Study in the Brazilian Amazon Power Suppliers. Lecture Notes in Computer Science, v. 5553, p. 1044-1053, 2009.

- Santana, Adamo ; CONDE, G. ; Francês, C. R. L. ; ROCHA, C. A. J. ; REGO, L. . Predict - Sistema de Suporte à Decisão para Estimação de Cargas e Modelagem de Dependência em Sistemas Elétricos. P&D: Revista Pesquisa e Desenvolvimento da Aneel, v. 3, p. 97-100, 2009.

**Linhas de Pesquisas:** Inteligência Computacional; Mineração de Dados

**Currículo Lattes:** <http://lattes.cnpq.br/5422287933944134>

---

**Nome:** Vivian Nogueira Silberg

**Titulação:** PhD

**Publicações:**

- SILBINGER, V. N. ; Luchessi, Andre D. ; Hirata, Rosario D.C. ; LIMA-NETO, LIDIO GONÇALVES ; CAVICHIOLI, D. D. ; Carracedo, Ángel ; BRION, M. ; DOPAZO, J. ; GARCIA-GARCIA, F. ; dos Santos, Elizabete Silva ; RAMOS, R. ; Sampaio, Marcelo Ferraz ; ARMAGANIJAN, DIKRAN ; Sousa, Amanda Guerra Moraes Rego ; Hirata, Mario Hiroyuki . Novel genes detected by transcriptional profiling from whole-blood cells in patients with early onset of acute coronary syndrome. Clinica Chimica Acta (Print), v. 421, p. 184-190, 2013.
- QUEIROGA, M.R. ; BARBIERI, R.A. ; FERREIRA, S.A. ; André ; Mario ; SILBINGER, V. N. ; Hirata, Rosario Dominguez Crespo ; KOKUBUN, E. . Glucose metabolism in monozygotic twin pairs discordant for cardiorespiratory fitness. Revista Paulista de Pediatria (Impresso), v. 31, p. 1-10, 2013.
- Silbiger, Vivian N. ; Hirata, Mario H. ; Luchessi, Andre D. ; Genvigir, Fabiana D.V. ; Cerda, Alvaro ; Rodrigues, Alice C. ; Willrich, Maria A.V. ; Arazi, Simone S. ; Dorea, Egidio L. ; Bernik, Marcia M.S. ; Faludi, Andre A. ; Bertolami, Marcelo C. ; Santos, Carla ; Carracedo, Ángel ; Salas, Antonio ;

FREIRE, ANA ; LAREU, MARIA VICTORIA ; PHILLIPS, CHRISTOPHER ; PORRAS-HURTADO, LILIANA ; FONDEVILA, MANUEL ; Hirata, Rosario D.C. . Differentiation of African Components of Ancestry to Stratify Groups in a Case Control Study of a Brazilian Urban Population. GENET TEST MOL BIOMA, p. 120130121517004, 2012.LIMA-NETO, LIDIO GONÇALVES ; Hirata, Rosario Dominguez Crespo ; Luchessi, André Ducati ; Silbiger, Vivian Nogueira ; STEPHANO, MARCO ANTONIO ; Sampaio, Marcelo Ferraz ; ARMAGANIJAN, DIKRAN ; Hirata, Mario Hiroyuki . CD14 and IL6 polymorphisms are associated with a pro-atherogenic profile in young adults with acute myocardial infarction. Journal of Thrombosis and Thrombolysis, v. S/N, p. S/N, 2012.

- CARDOSO, ML ; BEZERRA, JF ; OLIVEIRA, GHM ; SOARES, CD ; OLIVEIRA, SR ; DE SOUZA, KSC ; DA SILVA, HPV ; SILBIGER, VN ; LUCHESSI, AD ; FAJARDO, CM ; HIRATA, RDC ; ALMEIDA, MG ; HIRATA, MH ; REZENDE, AA . gene polymorphisms in non-syndromic cleft lip and/or palate. Oral Diseases, v. 10, p. n/a-n/a, 2012.SILBIGER, V. N. ; Luchessi, André Ducati ; Hirata, Rosario Dominguez Crespo ; Neto, Lidio Gonçalves Lima ; Pastorelli, Carla Prisinzano ; Ueda, Eric K.M. ; dos Santos, Elizabete Silva ; Pereira, Marcos Paulo ; Ramos, Rui ; Sampaio, Marcelo Ferraz ; Armaganijan, D . ; PAIK, S. H. ; MURATA, Y. ; Ferguson, E.W. ; Mario . Time course proteomic profiling of human myocardial infarction plasma samples: An approach to new biomarker discovery. Clinica Chimica Acta (Print), v. 412, p. 1086-1093, 2011.

- Rodrigues, Alice C. ; Perin, Paula M. S. ; Purim, Sheila G. ; Silbiger, Vivian N. ; Genvigir, Fabiana D. V. ; Willrich, Maria Alice V. ; Arazi, Simone S. ; Luchessi, Andre D. ; Hirata, Mario H. ; Bernik, Marcia M. S. ; Dorea, Egidio L. ; Santos, Carla ; Faludi, Andre A. ; Bertolami, Marcelo C. ; Salas, Antonio ; FREIRE, ANA ; Lareu, Maria V. ; PHILLIPS, CHRISTOPHER ; PORRAS-HURTADO, LILIANA ; FONDEVILA, MANUEL ; Carracedo, Angel ; Hirata, Rosario D. C. . Pharmacogenetics of OATP Transporters Reveals That SLCO1B1 c.388A>G Variant Is Determinant of Increased Atorvastatin Response. International Journal of Molecular Sciences (Online), v. 12, p. 5815-5827, 2011.

- Luchessi, André Ducati ; Silbiger, Vivian Nogueira ; Cerda, Alvaro ; Hirata, Rosario Dominguez Crespo ; Carracedo, Angel ; Brion, Maria ; Iñiguez, Andres ; Bravo, Marisol ; Bastos, Guillermo ; Sousa, Amanda Guerra Morais Rego ; Hirata, Mario Hiroyuki . Increased clopidogrel response is associated with ABCC3 expression: A pilot study. Clinica Chimica Acta (Print), p. x-x, 2011.
- Neto, L.G. L. ; Hirata, R.D. C. ; Luchessi, A. D. ; SILBIGER, V. N. ; Pastorelli, C.P. ; Sampaio, M. F. ; Armaganijan, D . ; Rezende, A. A. ; Doi, S. Q. ; Hirata, M. H. . Detection of the TLR4 1196C>T polymorphism by mismatched-PCR using plasmid DNA as internal control in RFLP assays. Genetic Testing, v. 13, p. 343-347, 2009.
- Santos, I.C. ; SILBIGER, V. N. ; Higuchi, D. ; Gomes, M.A. ; Barcelos, L.S ; Teixeira, M.M. ; Lopes, M.T.P. ; Cardoso V. N. ; Lima, M.P. ; Araujo, R.C. ; Pesquero, J.B. ; Pesquero, J.L. . Angiostatic activity of human plasminogen fragments is highly dependent on glycosylation. Cancer Science, v. v, p. 1-7, 2009.

**Linhas de Pesquisas:** Biologia Molecular Aplicada ao Diagnóstico; Oncogenética

**Currículo Lattes:** <http://lattes.cnpq.br/6121935907512568>

---



---

VII. LINHAS GERAIS DO CRONOGRAMA A SER CUMPRIDO POR SEMESTRE.

Segue abaixo o cronograma geral do projeto, dividido por semestres, estabelecendo atividades e metas quantificáveis para o acompanhamento.

[illegible]

- Estágio Doutorado no Exterior (04)	X	X	X	X	X	X	X	X		
- Estágio Sênior no Exterior (04)	X	X	X	X	X	X	X	X		
- Estágio Pós-Doutorado no País (03)	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
- Estágio Pós-Doc no Exterior (04)	X	X	X	X	X	X	X	X		
9. Revisão da Literatura	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
10. Disseminação do Conhecimento										
- Missões Acadêmicas (04)	X		X		X		X			
- Eventos Científicos do Tipo Satélite (04)				X		X		X		X
- Publicação Resumos (20)			X		X		X		X	X
- Publicação Artigos (12)			X		X		X		X	X
- Publicação Produtos em Geral (05)			X		X		X		X	X
- Palestras, Conferências e Simpósios (20)			X		X		X		X	X
- Desenvolvimento, website do Projeto (04)				X		X		X		X
- Treinamentos e Cursos (10)	X		X		X		X			
10. Redação e Defesa de Graduação (10)		X		X		X		X		X
11. Redação e Defesa de Mestrados (06)				X	X	X	X	X	X	X
12. Redação e Defesa de Teses (06)						X	X	X	X	X
13. Redação de Relatórios (02)					X					X
14. Reunião entre as Equipes (04)	X		X		X		X		X	
15. Participação de Eventos (05)		X		X		X		X		X

➤ ESTIMATIVA DOS GASTOS ANUAIS PREVISTOS

<b>Despesas Previstas</b>	<b>1 ANO</b>	<b>2 ANO</b>	<b>3 ANO</b>	<b>4 ANO</b>	<b>5 ANO</b>
<b>DESPESAS DE CUSTEIO</b>	-	-	-	-	-
Bolsa de estudo					
Diária					
Material de Consumo					
Passagem e Despesa com Locomoção					
Serviços de terceiros - Pessoa Física					
Serviços de terceiros - Pessoa Jurídica					
Missões Acadêmicas e Reunião entre as equipes colaboradoras					
Participação de Eventos					
Formação de Recursos Humanos					
<b>DESPESAS DE CAPITAL</b>	-	-	-	-	-
Equipamentos e Material Permanente					
Instalações					
Aquisição/desenvolvimento de software					

Legenda

	Não se aplica
	Gasto completo
	Gasto fracionado
	Sem gastos Previstos



#### **Justificativa do orçamento de custeio:**

A maior parte das despesas (**R\$ 2.221.200,00**) de custeio serão repassadas ao longo do projeto, em forma de bolsas para formação de recursos humanos e estágios, de estudantes e docentes/pesquisadores em missões acadêmicas, como pode ser observado na Tabela 1. O restante do recurso de custeio (**R\$ 800.000,00**) será desembolsado em deslocamentos (aéreos e terrestres), auxílios, diárias e material de consumo em geral, para a disseminação do conhecimento e realização das missões, cursos, eventos e palestras como pode ser observado na Tabela 2, abaixo.

#### **Justificativa do orçamento de capital:**

As despesas de capital (**R\$ 200.000,00**) serão repassadas em duas parcelas, conforme descrito no edital. Uma no 1ª semestre do desenvolvimento do projeto, no valor de **R\$ 180.000,00**, para a aquisição de um único equipamento conforme descrito na Tabela 3. O equipamento em questão, trata-se de uma plataforma de seqüenciamento de nova geração (NGS), necessária para produção de dados genômicos voltados para o desenvolvimento de ferramentas, produtos e diagnósticos na área de genômica clínica (principalmente para a pesquisa em câncer). A outra parcela, no valor de **R\$ 20.000,00**, repassada no 3º semestre do desenvolvimento do projeto, para a aquisição e desenvolvimento de software, também apresentado na Tabela 3.

Tabela 1. Custos com as bolsas:

Tipo	Bolsas			
	Utilizado	Duração	Valor	Total
Iniciação Científica	4	24	R\$ 400,00	R\$ 38.400,00
Mestrado	6	18	R\$ 1.500,00	R\$ 162.000,00
Doutorado	4	36	R\$ 2.200,00	R\$ 316.800,00
Doutorado	2	48	R\$ 2.200,00	R\$ 211.200,00
Pós-Doutorado	3	48	R\$ 4.100,00	R\$ 590.400,00
Professor Visitante	2	12	R\$ 8.905,42	R\$ 213.730,08
Mestrado Sanduíche no País	6	6	R\$ 1.500,00	R\$ 54.000,00
Doutorado Sanduíche no País	0	12	R\$ 2.200,00	R\$ 0,00
Graduação Sanduíche	1	5	R\$ 2.175,00	R\$ 10.875,00
Graduação Sanduíche	1	4	R\$ 2.175,00	R\$ 8.700,00
Doutorado Sanduíche no Exterior	4	12	R\$ 3.250,00	R\$ 156.000,00
Estágio Sênior no Exterior	2	6	R\$ 5.750,00	R\$ 69.000,00
Estágio Sênior no Exterior	2	12	R\$ 5.750,00	R\$ 138.000,00
Estágio Pós-Doc Exterior	4	12	R\$ 5.250,00	R\$ 252.000,00
<b>Total</b>	<b>-</b>	<b>-</b>	<b>-</b>	<b>R\$ 2.221.105,08</b>

**Tabela 2. Recursos de custeios em geral:**

Recursos de Custeio			
Tipo	Utilizado	Valor	Total
Auxilio Instalação	variado	R\$ 3.300,00	R\$ 3.300,00
Auxílio Seguro Saúde	variado	R\$ 2.700,00	R\$ 2.700,00
Passagens Exterior / Estágio	10	R\$ 4.500,00	R\$ 45.000,00
Passagens Exterior / Missão	10	R\$ 4.500,00	R\$ 45.000,00
Passagem Nacional / Pos-Doc	10	R\$ 1.500,00	R\$ 15.000,00
Passagem Nacional / Missão	35	R\$ 1.500,00	R\$ 52.500,00
Passagem Nacional / Evento	10	R\$ 1.500,00	R\$ 15.000,00
Diária Nacional	225	R\$ 212,40	R\$ 47.790,00
Diária Internacional	70	R\$ 875,00	R\$ 61.250,00
Material de Consumo*	Variado	R\$ 458.460,00	R\$ 458.460,00
<b>Total</b>	<b>-</b>	<b>-</b>	<b>R\$ 800.000,00</b>

**Tabela 3. Recursos capitais:**

Recursos de Capital			
Tipo	Unidades	Valor	Total
Equipamento – Plataforma de Sequenciamento de NGS	1	R\$ 180.000,00	180.000
Aquisição e desenvolvimento de softwares	variado	R\$ 20.000,00	R\$ 20.000
<b>Total</b>	-	-	<b>200.000</b>

De maneira bem resumida quantifico os gastos totais com **custeio** e **capital**

**Tabela 4. Orçamentário dos recursos do projeto (custeio e capital):**

Tipo	Unidades	Total
Custeio – bolsas	variado	<b>R\$ 2.221.105,08</b>
Custeio- em geral	variado	<b>R\$ 800.000,00</b>
Capital – equipamento	1	<b>R\$ 180.000,00</b>
Capital - softwares	variado	<b>R\$ 20.000,00</b>
<b>Total</b>	-	<b>R\$ 3.221.105,08</b>

## ANEXO

### DOCENTES PARTICIPANTES

Nome	Titulação	CPF	E-Mail	Unidade	Equipe	Lattes
Ândrea Kely Campos Ribeiro dos Santos	PhD	301.300.002-30	<a href="mailto:akelyufpa@gmail.com">akelyufpa@gmail.com</a> / <a href="mailto:akley@ufpa.br">akley@ufpa.br</a>	LGHM/UFPA	1	<a href="http://lattes.cnpq.br/3899534338451625">http://lattes.cnpq.br/3899534338451625</a>
Sidney Emanuel Batista dos Santos	PhD	032.674.742-72	<a href="mailto:sidneysantos@ufpa.br">sidneysantos@ufpa.br</a>	LGHM/UFPA	1	<a href="http://lattes.cnpq.br/9809924843125163">http://lattes.cnpq.br/9809924843125163</a>
Artur Luiz da Costa da Silva	PhD	296.254.592-00	<a href="mailto:asilva@ufpa.br">asilva@ufpa.br</a>	LPDNA/UFPA	2	<a href="http://lattes.cnpq.br/7642043789034070">http://lattes.cnpq.br/7642043789034070</a>
Paulo Pimentel de Assumpção	PhD	210.839.082-00	<a href="mailto:assumpcaopp@gmail.com">assumpcaopp@gmail.com</a>	NPO/UFPA	3	<a href="http://lattes.cnpq.br/7323606327039876">http://lattes.cnpq.br/7323606327039876</a>
Romel Thiago Juca Ramos	PhD		<a href="mailto:rommelramos@ufpa.br">rommelramos@ufpa.br</a>	LPDNA/UFPA	2	<a href="http://lattes.cnpq.br/1274395392752454">http://lattes.cnpq.br/1274395392752454</a>
Ney Pereira Carneiro dos Santos	PhD	592.065.862-20	<a href="mailto:npcsantos@yahoo.com.br">npcsantos@yahoo.com.br</a>	NPO/UFPA	3	<a href="http://lattes.cnpq.br/1290427033107137">http://lattes.cnpq.br/1290427033107137</a>
Rommel Mario Rodriguez Burbano	PhD	257.059.542-04	<a href="mailto:rommel@ufpa.br">rommel@ufpa.br</a>	NPO/UFPA	3	<a href="http://lattes.cnpq.br/4362051219348099">http://lattes.cnpq.br/4362051219348099</a>
Igor Guerreiro Hamoy	PhD		<a href="mailto:ighamoy@gmail.com">ighamoy@gmail.com</a>	UFRA	3	<a href="http://lattes.cnpq.br/8911516573302586">http://lattes.cnpq.br/8911516573302586</a>
Sandro José de Souza	PhD		<a href="mailto:sandro@neuro.ufrn.br">sandro@neuro.ufrn.br</a>	ICe/UFRN	1	<a href="http://lattes.cnpq.br/8479967495464590">http://lattes.cnpq.br/8479967495464590</a>
Beatriz Stransky Ferreira	PhD			ICe/UFRN	2	<a href="http://lattes.cnpq.br/3142264445097872">http://lattes.cnpq.br/3142264445097872</a>
Vinicius de	PhD	675.650.590-	<a href="mailto:vsortica@hotmail.com">vsortica@hotmail.com</a>	NPO/UFPA	3	<a href="http://lattes.cnpq.br/2046482071071824">http://lattes.cnpq.br/2046482071071824</a>

Aldebaro Barreto da Rocha Klautau Júnior	PhD	294.857.462-53	-	LIC/UFPA	2	<a href="http://lattes.cnpq.br/1596629769697284">http://lattes.cnpq.br/1596629769697284</a>
Roberto Célio Limão de Oliveira	PhD	246.579.052-87	-	LIC/UFPA	2	<a href="http://lattes.cnpq.br/4497607460894318">http://lattes.cnpq.br/4497607460894318</a>
Ronaldo de Freitas Zampolo	PhD	392.256.402-00	-	LIC/UFPA	2	<a href="http://lattes.cnpq.br/9088524620828017">http://lattes.cnpq.br/9088524620828017</a>
Cláudio Alex Jorge da Rocha	PhD	373.039.452-53	-	LIC/UFPA	2	<a href="http://lattes.cnpq.br/5422287933944134">http://lattes.cnpq.br/5422287933944134</a>
Sylvain Henri Darnet	PhD	533.575.662-49	<a href="mailto:sylvain@ufpa.br">sylvain@ufpa.br</a>	LGHM/UFPA	2	<a href="http://lattes.cnpq.br/4586614214029929">http://lattes.cnpq.br/4586614214029929</a>
Vivian Nogueira Silberg	PhD		<a href="mailto:viviansilbiger@hotmail.com">viviansilbiger@hotmail.com</a>	ICe/UFRN	1	<a href="http://lattes.cnpq.br/6121935907512568">http://lattes.cnpq.br/6121935907512568</a>

## DISCENTES PARTICIPANTES

Nome	Titulação	E-Mail	Unidade	Equipe	Lattes
André Mauricio Ribeiro dos Santos	Bch	<a href="mailto:andre.santos@ufpa.br">andre.santos@ufpa.br</a>	LGHM/UFPA	1	<a href="http://lattes.cnpq.br/5461101387169945">http://lattes.cnpq.br/5461101387169945</a>
Fabiano Cordeiro Moreira	Msc	<a href="mailto:fabiano@plugplay.com.br">fabiano@plugplay.com.br</a>	LGHM/UFPA	2	<a href="http://lattes.cnpq.br/5745396559731337">http://lattes.cnpq.br/5745396559731337</a>
Igo Paixão de Medeiros	Bch	<a href="mailto:igo701@gmail.com">igo701@gmail.com</a>	LGHM/UFPA	2	<a href="http://lattes.cnpq.br/2226520272434438">http://lattes.cnpq.br/2226520272434438</a>
Larissa Luz Gomes	Msc	<a href="mailto:lariluz@gmail.com">lariluz@gmail.com</a>	LGHM/UFPA	2	<a href="http://lattes.cnpq.br/3356293380284840">http://lattes.cnpq.br/3356293380284840</a>
Amanda Vidal	Bch	<a href="mailto:amandaferreiravidal@yahoo.com.br">amandaferreiravidal@yahoo.com.br</a>	LGHM/UFPA	1	<a href="http://lattes.cnpq.br/5183425775828517">http://lattes.cnpq.br/5183425775828517</a>
Aline Maria Pereira Cruz	Msc	<a href="mailto:nurse.alinecruz@gmail.com">nurse.alinecruz@gmail.com</a>	NPO/UFPA	1	<a href="http://lattes.cnpq.br/5659071119788962">http://lattes.cnpq.br/5659071119788962</a>
Bruna Letícia do Nascimento Araújo Lins	Bch	<a href="mailto:bnalins@gmail.com">bnalins@gmail.com</a>	LGHM/UFPA	1	<a href="http://lattes.cnpq.br/2632929599463072">http://lattes.cnpq.br/2632929599463072</a>
Iguaracy Pinheiro de Sousa	Bch	<a href="mailto:iguaracy.sousa@icb.ufpa.br">iguaracy.sousa@icb.ufpa.br</a>	LGHM/UFPA	1	<a href="http://lattes.cnpq.br/5711959841737344">http://lattes.cnpq.br/5711959841737344</a>

Ana Virgínia Van de Berg	Msc		NPO/UFPA	1	<a href="http://lattes.cnpq.br/5480697395061395">http://lattes.cnpq.br/5480697395061395</a>
Fábio Manoel França Lobato	Msc	<a href="mailto:lobato.fabiof@gmail.com">lobato.fabiof@gmail.com</a>	LIC/UFPA	2	<a href="http://lattes.cnpq.br/8320014491229434">http://lattes.cnpq.br/8320014491229434</a>
Mônica Barauna de Assumpção	Msc		NPO/UFPA	1	<a href="http://lattes.cnpq.br/3975145545070821">http://lattes.cnpq.br/3975145545070821</a>
Natalle Socorro da Costa Freitas	Msc	<a href="mailto:natallefreitas@yahoo.com.br">natallefreitas@yahoo.com.br</a>	LGHM/UFPA	1	<a href="http://lattes.cnpq.br/9105810618306619">http://lattes.cnpq.br/9105810618306619</a>
Giovanna Chaves Cavalcante	Bch	<a href="mailto:giovannaccavalcante@gmail.com">giovannaccavalcante@gmail.com</a>	LGHM/UFPA	1	<a href="http://lattes.cnpq.br/0564663068294595">http://lattes.cnpq.br/0564663068294595</a>
Marcos Antônio Trindade Amador	Bch	<a href="mailto:marcosmata52@yahoo.com.br">marcosmata52@yahoo.com.br</a>	LGHM/UFPA	1	<a href="http://lattes.cnpq.br/7088749890497589">http://lattes.cnpq.br/7088749890497589</a>
Vandeclecio Lira da Silva	Bch	<a href="mailto:clecio.de@gmail.com">clecio.de@gmail.com</a>	ICe/UFRN	2	<a href="http://lattes.cnpq.br/4443155810974283">http://lattes.cnpq.br/4443155810974283</a>
André Fonseca	Bch	<a href="mailto:andrefonseca@neuro.ufrn.br">andrefonseca@neuro.ufrn.br</a>	ICe/UFRN	2	<a href="http://lattes.cnpq.br/6111746041875692">http://lattes.cnpq.br/6111746041875692</a>
Aluno (6 alunos)	-		LIC/UFPA	3	
Marianne Rodrigues Fernandes	Msc	<a href="mailto:fernandesmr@yahoo.com.br">fernandesmr@yahoo.com.br</a>	NPO/UFPA	3	<a href="http://lattes.cnpq.br/3932545241435170">http://lattes.cnpq.br/3932545241435170</a>
Débora Christina Ricardo de Oliveira Fernandes	Msc	<a href="mailto:deboracrfernandes@yahoo.com.br">deboracrfernandes@yahoo.com.br</a>	LGHM/UFPA	3	<a href="http://lattes.cnpq.br/1270041977515726">http://lattes.cnpq.br/1270041977515726</a>
Darlen Cardoso de Carvalho	Bch	<a href="mailto:darlen.c.carvalho@gmail.com">darlen.c.carvalho@gmail.com</a>	LGHM/UFPA	3	<a href="http://lattes.cnpq.br/5194473299350614">http://lattes.cnpq.br/5194473299350614</a>