

NOVOS PARADIGMAS DE ABORDAGEM NA BIOMEDICINA CONTEMPORÂNEA

CLAUDIANE AYRES
(ORGANIZADORA)



Atena
Editora

Ano 2020

NOVOS PARADIGMAS DE ABORDAGEM NA BIOMEDICINA CONTEMPORÂNEA

CLAUDIANE AYRES
(ORGANIZADORA)



Atena
Editora

Ano 2020

2020 by Atena Editora

Copyright © Atena Editora

Copyright do Texto © 2020 Os autores

Copyright da Edição © 2020 Atena Editora

Editora Chefe: Profª Drª Antonella Carvalho de Oliveira

Diagramação: Lorena Prestes

Edição de Arte: Lorena Prestes

Revisão: Os Autores



Todo o conteúdo deste livro está licenciado sob uma Licença de Atribuição *Creative Commons*. Atribuição 4.0 Internacional (CC BY 4.0).

O conteúdo dos artigos e seus dados em sua forma, correção e confiabilidade são de responsabilidade exclusiva dos autores. Permitido o download da obra e o compartilhamento desde que sejam atribuídos créditos aos autores, mas sem a possibilidade de alterá-la de nenhuma forma ou utilizá-la para fins comerciais.

Conselho Editorial

Ciências Humanas e Sociais Aplicadas

Profª Drª Adriana Demite Stephani – Universidade Federal do Tocantins

Prof. Dr. Álvaro Augusto de Borba Barreto – Universidade Federal de Pelotas

Prof. Dr. Alexandre Jose Schumacher – Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Mato Grosso

Profª Drª Angeli Rose do Nascimento – Universidade Federal do Estado do Rio de Janeiro

Prof. Dr. Antonio Carlos Frasson – Universidade Tecnológica Federal do Paraná

Prof. Dr. Antonio Gasparetto Júnior – Instituto Federal do Sudeste de Minas Gerais

Prof. Dr. Antonio Isidro-Filho – Universidade de Brasília

Prof. Dr. Carlos Antonio de Souza Moraes – Universidade Federal Fluminense

Profª Drª Cristina Gaio – Universidade de Lisboa

Profª Drª Denise Rocha – Universidade Federal do Ceará

Prof. Dr. Deyvison de Lima Oliveira – Universidade Federal de Rondônia

Prof. Dr. Edvaldo Antunes de Farias – Universidade Estácio de Sá

Prof. Dr. Eloi Martins Senhora – Universidade Federal de Roraima

Prof. Dr. Fabiano Tadeu Grazioli – Universidade Regional Integrada do Alto Uruguai e das Missões

Prof. Dr. Gilmei Fleck – Universidade Estadual do Oeste do Paraná

Prof. Dr. Gustavo Henrique Cepolini Ferreira – Universidade Estadual de Montes Claros

Profª Drª Ivone Goulart Lopes – Istituto Internazionale delle Figlie de Maria Ausiliatrice

Prof. Dr. Julio Candido de Meirelles Junior – Universidade Federal Fluminense

Profª Drª Keyla Christina Almeida Portela – Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Mato Grosso

Profª Drª Lina Maria Gonçalves – Universidade Federal do Tocantins

Prof. Dr. Luis Ricardo Fernandes da Costa – Universidade Estadual de Montes Claros

Profª Drª Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte

Prof. Dr. Marcelo Pereira da Silva – Universidade Federal do Maranhão

Profª Drª Miranilde Oliveira Neves – Instituto de Educação, Ciência e Tecnologia do Pará

Profª Drª Paola Andressa Scortegagna – Universidade Estadual de Ponta Grossa

Profª Drª Rita de Cássia da Silva Oliveira – Universidade Estadual de Ponta Grossa

Profª Drª Sandra Regina Gardacho Pietrobon – Universidade Estadual do Centro-Oeste

Profª Drª Sheila Marta Carregosa Rocha – Universidade do Estado da Bahia

Prof. Dr. Rui Maia Diamantino – Universidade Salvador

Prof. Dr. Urandi João Rodrigues Junior – Universidade Federal do Oeste do Pará

Profª Drª Vanessa Bordin Viera – Universidade Federal de Campina Grande

Prof. Dr. William Cleber Domingues Silva – Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro
Prof. Dr. Willian Douglas Guilherme – Universidade Federal do Tocantins

Ciências Agrárias e Multidisciplinar

Prof. Dr. Alexandre Igor Azevedo Pereira – Instituto Federal Goiano
Prof. Dr. Antonio Pasqualetto – Pontifícia Universidade Católica de Goiás
Prof. Dr. Cleberton Correia Santos – Universidade Federal da Grande Dourados
Profª Drª Daiane Garabeli Trojan – Universidade Norte do Paraná
Profª Drª Diocléa Almeida Seabra Silva – Universidade Federal Rural da Amazônia
Prof. Dr. Écio Souza Diniz – Universidade Federal de Viçosa
Prof. Dr. Fábio Steiner – Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul
Prof. Dr. Fágner Cavalcante Patrocínio dos Santos – Universidade Federal do Ceará
Profª Drª Girlene Santos de Souza – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia
Prof. Dr. Júlio César Ribeiro – Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro
Profª Drª Lina Raquel Santos Araújo – Universidade Estadual do Ceará
Prof. Dr. Pedro Manuel Villa – Universidade Federal de Viçosa
Profª Drª Raissa Rachel Salustriano da Silva Matos – Universidade Federal do Maranhão
Prof. Dr. Ronilson Freitas de Souza – Universidade do Estado do Pará
Profª Drª Talita de Santos Matos – Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro
Prof. Dr. Tiago da Silva Teófilo – Universidade Federal Rural do Semi-Árido
Prof. Dr. Valdemar Antonio Paffaro Junior – Universidade Federal de Alfenas

Ciências Biológicas e da Saúde

Prof. Dr. André Ribeiro da Silva – Universidade de Brasília
Profª Drª Anelise Levay Murari – Universidade Federal de Pelotas
Prof. Dr. Benedito Rodrigues da Silva Neto – Universidade Federal de Goiás
Prof. Dr. Edson da Silva – Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri
Profª Drª Eleuza Rodrigues Machado – Faculdade Anhanguera de Brasília
Profª Drª Elane Schwinden Prudêncio – Universidade Federal de Santa Catarina
Profª Drª Eysler Gonçalves Maia Brasil – Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-Brasileira
Prof. Dr. Ferlando Lima Santos – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia
Prof. Dr. Fernando José Guedes da Silva Júnior – Universidade Federal do Piauí
Profª Drª Gabriela Vieira do Amaral – Universidade de Vassouras
Prof. Dr. Gianfábio Pimentel Franco – Universidade Federal de Santa Maria
Profª Drª Iara Lúcia Tescarollo – Universidade São Francisco
Prof. Dr. Igor Luiz Vieira de Lima Santos – Universidade Federal de Campina Grande
Prof. Dr. José Max Barbosa de Oliveira Junior – Universidade Federal do Oeste do Pará
Prof. Dr. Luís Paulo Souza e Souza – Universidade Federal do Amazonas
Profª Drª Magnólia de Araújo Campos – Universidade Federal de Campina Grande
Prof. Dr. Marcus Fernando da Silva Praxedes – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia
Profª Drª Mylena Andréa Oliveira Torres – Universidade Ceuma
Profª Drª Natiéli Piovesan – Instituto Federaci do Rio Grande do Norte
Prof. Dr. Paulo Inada – Universidade Estadual de Maringá
Profª Drª Renata Mendes de Freitas – Universidade Federal de Juiz de Fora
Profª Drª Vanessa Lima Gonçalves – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Profª Drª Vanessa Bordin Viera – Universidade Federal de Campina Grande

Ciências Exatas e da Terra e Engenharias

Prof. Dr. Adélio Alcino Sampaio Castro Machado – Universidade do Porto

Prof. Dr. Alexandre Leite dos Santos Silva – Universidade Federal do Piauí
Prof. Dr. Carlos Eduardo Sanches de Andrade – Universidade Federal de Goiás
Prof^a Dr^a Carmen Lúcia Voigt – Universidade Norte do Paraná
Prof. Dr. Eloi Rufato Junior – Universidade Tecnológica Federal do Paraná
Prof. Dr. Fabrício Menezes Ramos – Instituto Federal do Pará
Prof. Dr. Juliano Carlo Rufino de Freitas – Universidade Federal de Campina Grande
Prof^a Dr^a Luciana do Nascimento Mendes – Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Rio Grande do Norte
Prof. Dr. Marcelo Marques – Universidade Estadual de Maringá
Prof^a Dr^a Neiva Maria de Almeida – Universidade Federal da Paraíba
Prof^a Dr^a Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte
Prof. Dr. Takeshy Tachizawa – Faculdade de Campo Limpo Paulista

Conselho Técnico Científico

Prof. Me. Abrãao Carvalho Nogueira – Universidade Federal do Espírito Santo
Prof. Me. Adalberto Zorzo – Centro Estadual de Educação Tecnológica Paula Souza
Prof. Me. Adalto Moreira Braz – Universidade Federal de Goiás
Prof. Dr. Adaylson Wagner Sousa de Vasconcelos – Ordem dos Advogados do Brasil/Seccional Paraíba
Prof. Me. André Flávio Gonçalves Silva – Universidade Federal do Maranhão
Prof^a Dr^a Andreza Lopes – Instituto de Pesquisa e Desenvolvimento Acadêmico
Prof^a Dr^a Andrezza Miguel da Silva – Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia
Prof. Dr. Antonio Hot Pereira de Faria – Polícia Militar de Minas Gerais
Prof^a Ma. Bianca Camargo Martins – UniCesumar
Prof^a Ma. Carolina Shimomura Nanya – Universidade Federal de São Carlos
Prof. Me. Carlos Antônio dos Santos – Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro
Prof. Ma. Cláudia de Araújo Marques – Faculdade de Música do Espírito Santo
Prof^a Dr^a Cláudia Taís Siqueira Cagliari – Centro Universitário Dinâmica das Cataratas
Prof. Me. Daniel da Silva Miranda – Universidade Federal do Pará
Prof^a Ma. Daniela da Silva Rodrigues – Universidade de Brasília
Prof^a Ma. Dayane de Melo Barros – Universidade Federal de Pernambuco
Prof. Me. Douglas Santos Mezacas – Universidade Estadual de Goiás
Prof. Dr. Edwaldo Costa – Marinha do Brasil
Prof. Me. Eduardo Gomes de Oliveira – Faculdades Unificadas Doctum de Cataguases
Prof. Me. Eliel Constantino da Silva – Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita
Prof. Me. Euvaldo de Sousa Costa Junior – Prefeitura Municipal de São João do Piauí
Prof^a Ma. Fabiana Coelho Couto Rocha Corrêa – Centro Universitário Estácio Juiz de Fora
Prof. Dr. Fabiano Lemos Pereira – Prefeitura Municipal de Macaé
Prof. Me. Felipe da Costa Negrão – Universidade Federal do Amazonas
Prof^a Dr^a Germana Ponce de Leon Ramírez – Centro Universitário Adventista de São Paulo
Prof. Me. Gevair Campos – Instituto Mineiro de Agropecuária
Prof. Dr. Guilherme Renato Gomes – Universidade Norte do Paraná
Prof. Me. Gustavo Krahl – Universidade do Oeste de Santa Catarina
Prof. Me. Helton Rangel Coutinho Junior – Tribunal de Justiça do Estado do Rio de Janeiro
Prof^a Ma. Jaqueline Oliveira Rezende – Universidade Federal de Uberlândia
Prof. Me. Javier Antonio Albornoz – University of Miami and Miami Dade College
Prof^a Ma. Jéssica Verger Nardeli – Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho
Prof. Me. Jhonatan da Silva Lima – Universidade Federal do Pará
Prof. Me. José Luiz Leonardo de Araujo Pimenta – Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria Uruguay
Prof. Me. José Messias Ribeiro Júnior – Instituto Federal de Educação Tecnológica de Pernambuco

Profª Ma. Juliana Thaisa Rodrigues Pacheco – Universidade Estadual de Ponta Grossa
 Profª Drª Kamilly Souza do Vale – Núcleo de Pesquisas Fenomenológicas/UFPA
 Profª Drª Karina de Araújo Dias – Prefeitura Municipal de Florianópolis
 Prof. Dr. Lázaro Castro Silva Nascimento – Laboratório de Fenomenologia & Subjetividade/UFPR
 Prof. Me. Leonardo Tullio – Universidade Estadual de Ponta Grossa
 Profª Ma. Lilian Coelho de Freitas – Instituto Federal do Pará
 Profª Ma. Liliani Aparecida Sereno Fontes de Medeiros – Consórcio CEDERJ
 Profª Drª Lívia do Carmo Silva – Universidade Federal de Goiás
 Prof. Me. Lucio Marques Vieira Souza – Secretaria de Estado da Educação, do Esporte e da Cultura de Sergipe
 Prof. Me. Luis Henrique Almeida Castro – Universidade Federal da Grande Dourados
 Prof. Dr. Luan Vinicius Bernardelli – Universidade Estadual do Paraná
 Prof. Dr. Michel da Costa – Universidade Metropolitana de Santos
 Prof. Dr. Marcelo Máximo Purificação – Fundação Integrada Municipal de Ensino Superior
 Prof. Me. Marcos Aurelio Alves e Silva – Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de São Paulo
 Profª Ma. Marileila Marques Toledo – Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri
 Prof. Me. Ricardo Sérgio da Silva – Universidade Federal de Pernambuco
 Prof. Me. Rafael Henrique Silva – Hospital Universitário da Universidade Federal da Grande Dourados
 Profª Ma. Renata Luciane Polsaque Young Blood – UniSecal
 Profª Ma. Solange Aparecida de Souza Monteiro – Instituto Federal de São Paulo
 Prof. Me. Tallys Newton Fernandes de Matos – Faculdade Regional Jaguaribana
 Prof. Dr. Welleson Feitosa Gazel – Universidade Paulista

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP) (eDOC BRASIL, Belo Horizonte/MG)	
N945	Novos paradigmas de abordagem na biomedicina contemporânea [recurso eletrônico] / Organizadora Claudiane Ayres. – Ponta Grossa, PR: Atena, 2020. Formato: PDF Requisitos de sistema: Adobe Acrobat Reader. Modo de acesso: World Wide Web. Inclui bibliografia ISBN 978-65-5706-055-1 DOI 10.22533/at.ed.551202205 1. Biomedicina contemporânea. I. Ayres, Claudiane. CDD 610.69
Elaborado por Maurício Amormino Júnior – CRB6/2422	

Atena Editora
 Ponta Grossa – Paraná - Brasil
www.atenaeditora.com.br
contato@atenaeditora.com.br

APRESENTAÇÃO

A **Biomedicina** se caracteriza como uma profissão que atua na área científica da *Biologia e da Medicina*, principalmente desenvolvendo pesquisas relacionadas a doenças humanas e elementos ambientais, capazes de contribuir para a melhoria na área da saúde. A biomedicina busca, através de análises laboratoriais, compreender as causas, consequências e sintomas de doenças que comprometem a saúde da população e dessa forma, contribui para o desenvolvimento de mecanismos para alcançar o diagnóstico e aprimorar os tratamentos.

O profissional biomédico é capaz de atuar em diversos campos, como: análise ambiental, análise bromatológica, análises clínicas, biomedicina estética, biologia molecular, biotecnologia, diagnóstico por imagem, hematologia, imunologia, parasitologia, patologia, saúde pública, genética e terapias gênicas, além de viabilizar terapias de inseminação artificial, participando de todas as fases do procedimento; auxiliar nas causas ambientais, analisando a presença de agentes químicos ou biológicos na natureza, detectando casos de contaminação e poluição do meio ambiente, dentre outras inúmeras possibilidades e formas de atuação profissional.

Pensando em todas as possibilidades e atualizações que envolvem a abordagem da Biomedicina, a editora Atena lança o e-book “NOVOS PARADIGMAS DE ABORDAGEM NA BIOMEDICINA CONTEMPORÂNEA”, que traz 06 artigos capazes de fundamentar e evidenciar a atuação do profissional biomédico nas suas diversas áreas de trabalho.

Convido-te a conhecer as diversas possibilidades que envolvem essa profissão tão abrangente.

Aproveite a leitura!

Claudiane Ayres

SUMÁRIO

CAPÍTULO 1	1
AVALIAÇÃO DE MICRONÚCLEO EM PROFISSIONAIS DE SAÚDE EXPOSTOS A RESÍDUOS DE GASES ANESTÉSICOS: UMA REVISÃO	
Denilson de Araújo e Silva	
Emanuel Alexandher de Sousa Sampaio	
José Nilton de Araújo Gonçalves	
Lucibel Albuquerque de Andrade	
Felipe Dantas de Lira	
Thais Maria Sousa Andrade	
Francisco Sylvestre Miranda Melo	
Letícia Moura Luz	
Vitória Almeida de Freitas	
Higor Braga Cartaxo	
Adriano José Vieira de Sousa	
Mariana Silva Alves	
DOI 10.22533/at.ed.5512022051	
CAPÍTULO 2	8
FEBRE AMARELA: REINCIDÊNCIA DE SURTOS EM ÉPOCAS SAZONAIS	
Nathália Miranda Feitosa Torres	
Amanda Torres Nunes	
Manuel Henrique de Sousa Cunha	
Vitória Assis Lima	
Victória Hellen Machado Pereira Lima	
Darlyane Pereira Feitosa da Silva	
Michaelly de Lira Silva	
Inara Rodrigues de Oliveira	
Jean Souza Vasconcelos	
Tayna Manfrin Galvão	
Kassy Lenno Sousa Dantas	
Sárvia Leão de Aquino	
DOI 10.22533/at.ed.5512022052	
CAPÍTULO 3	19
MEDIADORES INFLAMATÓRIOS E MARCADORES BIOQUÍMICOS NA MUCOSITE INTESTINAL	
João Antônio Leal de Miranda	
Lázaro de Sousa Fideles	
Amanda Alves Feitosa	
Isabel Cabral Gonçalves	
Camila Bantim da Cruz Diniz	
Ígor Santhiago de Oliveira Costa Ribeiro	
Jefferson Almeida Rocha	
Mikael Leandro Duarte de Lima Tolentino	
Cleidivan Afonso de Brito	
Maria Lucianny Lima Barbosa	
Claudio Silva Teixeira	
Gilberto Santos Cerqueira	
DOI 10.22533/at.ed.5512022053	

CAPÍTULO 435

PATOLOGIAS DERIVADAS DE ERROS DE TRANSCRIÇÃO E TRADUÇÃO DO RNA TENDO COMO BASE O CÂNCER

Nathália Miranda Feitosa Torres
Tatiani da Silva Carvalho
Maria Camila Leal de Moura
Antonio Francisco Ferreira da Silva
Tallyta Barroso de Sousa
Aurélio Valmir de Carvalho Tôrres
Joellyson Lucas da Conceição dos Santos
Raul Dhon Cutrim Costa
Klayane Milena de Castro Carvalho
Leylane Mendes Portela Silva
Leonardo Francisco da Silva
Karina de Souza Lobo Borralho

DOI 10.22533/at.ed.5512022054

CAPÍTULO 546

POLUIÇÃO DO AR: O DIAGNÓSTICO DE PATOLOGIAS E A TERAPÊUTICA ATUAL SÃO EFETIVOS NO COMBATE AS DOENÇAS RESPIRATÓRIAS?

Denilson de Araújo e Silva
Emanuel Alexandher de Sousa Sampaio
Hilton Pereira da Silva Júnior
Darlyane Pereira Feitosa da Silva
Mariana Silva Alves
Erica Caroline de Lima de Sá
Karen Lainy dos Reis Nunes
Antonio Francisco Ferreira da Silva
Jonas Almeida Lobão de Salles Souza
Letícia Moura Luz
Tallyta Barroso de Sousa
Beatriz Cristina de Carvalho Macedo

DOI 10.22533/at.ed.5512022055

CAPÍTULO 653

UTILIZAÇÃO DO PLASMA SANGUÍNEO RICO EM PLAQUETAS NO TRATAMENTO DE FERIMENTOS

Darlyane Pereira Feitosa da Silva
Aldenora Maria Ximenes Rodrigues
Nathália Miranda Feitosa Torres
Andressa Mirian Santos Vale
Líria Marina Gomes da Silva
Denilson de Araújo e Silva
Lucas Costa Ferreira
Francisco Alex da Rocha Coelho
Rosenilce dos Santos da Silva
Valentina Rhémily de Melo Vasconcelos
Sandiele Cantuário Sales
Bruna Letícia Lima Carvalho

DOI 10.22533/at.ed.5512022056

SOBRE A ORGANIZADORA.....64

ÍNDICE REMISSIVO65

CAPÍTULO 4

PATOLOGIAS DERIVADAS DE ERROS DE TRANSCRIÇÃO E TRADUÇÃO DO RNA TENDO COMO BASE O CÂNCER

Data de aceite: 18/05/2020

Data de submissão: 22/04/2020

Nathália Miranda Feitosa Torres

Graduanda em Biomedicina pelo Centro
Universitário Uninovafapi – AFYA

Teresina – Piauí

<http://lattes.cnpq.br/5336479725985317>

Tatiani da Silva Carvalho

Graduanda em Biomedicina pelo Centro
Universitário Uninovafapi – AFYA

Teresina – Piauí

<http://lattes.cnpq.br/1956603481643123>

Maria Camila Leal de Moura

Farmacêutica Residente pelo Programa
de Residência Multiprofissional em Saúde
do Hospital Universitário da Universidade
Federal do Piauí – HU UFPI

Teresina – Piauí

<http://lattes.cnpq.br/5081863117759588>

Antonio Francisco Ferreira da Silva

Biomédico pelo Centro Universitário
Uninovafapi – AFYA

Teresina – Piauí

<http://lattes.cnpq.br/5910197489351037>

Tallyta Barroso de Sousa

Biomédica pelo Centro Universitário
Uninovafapi – AFYA

Teresina - Piauí

<http://lattes.cnpq.br/6858208632249335>

Aurélio Valmir de Carvalho Tôres

Biomédico pelo Centro Universitário
Uninovafapi – AFYA

Teresina - Piauí

<http://lattes.cnpq.br/7612546357421313>

Joellyson Lucas da Conceição dos Santos

Graduando em Ciências Biológicas pela
Universidade Estadual do Maranhão –
UEMA

Itapecuru Mirim – MA

<http://lattes.cnpq.br/7682156880924893>

Raul Dhon Cutrim Costa

Graduando em Biomedicina pela
Faculdade Pitágoras
São Luís – Maranhão

<http://lattes.cnpq.br/5417299405999335>

Klayane Milena de Castro Carvalho

Graduanda em Biomedicina pela
Universidade Federal do Piauí - Delta do
Parnaíba

Parnaíba – Piauí

<http://lattes.cnpq.br/8402021456093064>

Leylane Mendes Portela Silva

Graduanda em Biomedicina pela
Universidade CEUMA

Imperatriz – MA

<http://lattes.cnpq.br/4503724715551748>

Leonardo Francisco da Silva

Biomédico Residente pelo Programa de
Residência Integrada Multiprofissional em
Saúde do Adulto da Universidade Federal

RESUMO: As alterações genéticas ocorridas durante a transcrição ou tradução do material genético são complicações comprometedoras da vida do indivíduo afetado e tais disfunções se apresentam em uma diversidade de conteúdo, logo existem inúmeras patologias causadas por erros de transcrição e/ou tradução. Portanto, o avanço da medicina em geral vem proporcionando o conhecimento cada vez maior dessas doenças e suas causas apontando na maioria das vezes os fatores de transcrição como um dos pontos-chaves que iniciam um desenvolvimento anormal repassando um RNAm comprometido e que dará origem a proteínas defeituosas o que pode causar um carcinoma como na maioria dos casos. Desse modo, o presente estudo trata-se de um estudo de revisão bibliográfica, que buscou evidenciar algumas patologias específicas que são desencadeadas por alguma alteração nos processos de transcrição e tradução gênica. Foram utilizados periódicos científicos para a elaboração desta revisão de literatura, utilizando a base de dados *Pubmed*, *SCIELO* e *Web of Science*, através dos descritores: “Regulação neoplásica da expressão gênica”, “transcrição”, “tradução”, “Biossíntese de proteínas” e “câncer”, nos idiomas português e inglês, entre 2010 e 2018, que se encaixavam com o tema proposto, restando 20 desses artigos. Percebeu-se que a regulação de tradução do gene pode ser afetada por vários fatores tais como: regiões não traduzidas (UTRs), a estrutura de RNAm, proteína de ligação de RNA (RBP) e proteínas ribossomais. Observou-se que alterações nestes componentes reguladores poderiam levar a divergência translacional e assim, possíveis consequências fenotípicas. Além de outras constatações como, por exemplo, a riqueza de conhecimento existente nas pesquisas utilizadas que precisam ser cada vez mais explorados, logo as alterações sofridas pelo material genético são mediadas por erros que até o momento não se pode evitar, tratando-se de um tema com grande dificuldade de soluções efetivas para utilização prática das áreas da saúde.

PALAVRAS-CHAVE: Transcrição gênica. Tradução gênica. Erros na transcrição do material genético.

PATHOLOGIES DERIVED FROM ERRORS OF TRANSCRIPTION AND TRANSLATION IN THE RNA BASED ON CÂNCER

ABSTRACT: The genetic alterations that occurred during the transcription or the translation of the genetic material are life-threatening complications of the affected

individual and such dysfunctions are present in a diversity of content, therefore, there are numerous pathologies caused by transcription and/or translation errors. Thus, the advancement of medicine in general has been providing an increasing knowledge of these diseases and their respective causes, pointing that most often to transcription factors as one of the key points that initiate an abnormal development, passing on a compromised mRNA and that will rise to defective proteins which can cause a carcinoma as in most cases. Thereby, this study is a bibliographic review study, which sought to highlight some specific pathologies that are triggered by some change in the processes of transcription and gene translation. There were used scientific journals to elaborate this literature review, using data base from Pubmed, SCIELO and Web of Science, through keywords: “neoplastic regulation of the gene expression”, “transcription”, “translation”, “biosynthesis of proteins” and “cancer”, in Portuguese and English, between 2010 and 2018, which fit with the proposed theme, remaining 20 of these articles. It was noticed that the translation regulation of the gene can be affected by several factors, such as untranslated regions (UTR), the mRNA structure, RNA-binding protein (RBPs) and ribosomal proteins. It was observed that changes in these regulatory components could lead to translational divergence and thus, possible phenotypic consequences. In addition to others ascertainments such as, for example, the wealth of knowledge existing in the research used, which needs to be increasingly explored, therefore the changes suffered by the genetic material are mediated by errors that until now cannot be avoided, being a topic with great difficulty in effective solutions for the practical use of the health areas.

KEYWORDS: Genic transcription. Genic translation. Errors in the transcription of the genetic material.

1 | INTRODUÇÃO

O câncer surge a partir de uma mutação genética, ou seja, de uma alteração no DNA da célula, que passa a receber instruções erradas para as suas atividades. As alterações podem ocorrer em genes especiais, denominados proto-oncogenes, que a princípio são inativos em células normais. Quando ativados, os proto-oncogenes tornam-se oncogenes, responsáveis por transformar as células normais em células cancerosas (ONUICHIC; CHAMMAS, 2010).

Segundo Prado (2014), o câncer seria causado primeiramente por modificações genéticas adquiridas por fatores externos e não como uma doença genética passada de geração a geração. Essas modificações são principalmente mutações no DNA das células somáticas que se propagam por mitose (tipo de divisão celular). Os genes que promovem a divisão celular estão ativos na célula embrionária, mas inativos nas células adultas. No entanto, se sofrem alguma mudança, que possa ativá-los em momentos inadequados, eles se transformam em oncogenes e provocam o câncer.

A transcrição é um dos fatores de transformação gênica essenciais para que ocorra o processo de síntese de proteínas, logo é a partir desta que o material genético

do DNA é copiado e todas as informações necessárias para a atividade do RNA são armazenadas geralmente em uma fita simples de nucleotídeos, paralelamente a atividade de tradução consiste na leitura de um código genético contido no RNAm que recebe auxílio do RNAt e este se liga aos nucleotídeos e os direciona para a fita de RNAm onde uma sequência de nucleotídeos será formada a partir da ação da enzima peptidil transferase, que forma as cadeias peptídicas nas subunidades do ribossomo (TIROSH et al., 2015).

Ademais, o processo de síntese de proteínas é algo fundamental para a saúde das células e também é especialmente importante no processo de desenvolvimento inicial de todas as estruturas de um organismo, sendo que defeitos na síntese de proteínas podem afetar o equilíbrio das proteínas recém-formadas e, seria algo letal na forma embrionária e não seria observada em seres humanos pós-natais, no qual, qualquer efeito de alteração mesmo que sutil no processo de tradução pode provocar complicações em indivíduos adultos (HERSHEY, 2010).

Dessa forma, a biossíntese de proteínas passa a ser regulada de acordo com as ações de células cancerosas, que deixa o meio intracelular proteico necessário para sua sobrevivência e multiplicação, pois o aumento da taxa de síntese proteica favorece a multiplicação de células afetadas que passam a se movimentar por todo organismo e comprometer todos os tecidos e caso não seja tratado precocemente leva a morte do indivíduo rapidamente (CUNNINGHAM et al., 2015)

O desenvolvimento de patologias relacionadas a disfunções nos processos de transcrição e tradução de proteínas está diretamente ligado ao desequilíbrio homeostático provocado pelo crescimento desordenado de células cancerosas, que são geradas a partir da alteração da função de diversas proteínas (CUNNINGHAM et al., 2015). Abranger diversas patologias relacionadas a erros de transcrição e tradução do material genético consiste o foco central desse estudo, bem como comparar todas essas disfunções, como câncer, ao estado normal de um organismo em perfeitas condições.

Dessa forma, buscou-se evidenciar algumas alterações patológicas que ocorrem durante o período de transcrição e tradução do RNA de células eucarióticas e aborda como base o câncer, dentre outras anomalias e/ou condicionantes que podem provocar essas doenças causadas por erros de transcrição e tradução do RNA, provocados por alterações em determinados genes e sua consequência no indivíduo afetado.

2 | METODOLOGIA

A presente pesquisa trata-se de um estudo de revisão bibliográfica no qual foram utilizados periódicos científicos para a elaboração da presente pesquisa, utilizou-se as bases de dados *Pubmed*, *SCIELO* e *Web of Science*, através dos descritores: “Regulação neoplásica da expressão gênica”, “transcrição”, “tradução”, “Biossíntese de proteínas” e “câncer”, foram inclusos artigos em uma linha temporal de 2010-2018,

nos idiomas inglês e português, que estavam de acordo com o objetivo proposto, em um total de 534, incluiu-se 20 desses artigos na revisão.

3 | RESULTADOS E DISCUSSÃO

O câncer pode ser uma das piores consequências de alterações genéticas durante o processo de transcrição e síntese de proteínas, pois pode ser ocasionado por disfunção de diversos fatores proteicos fundamentais no desenvolvimento de um organismo saudável. Assim é notória a proliferação de células de maneira desordenada (Figura 1) por todos os tecidos do organismo, ou seja, os fatores de regulação são alterados e passam a exercer sua função de forma errada e promovem um ambiente propício para o crescimento de células cancerígenas (CUNNINGHAM et al, 2015).



Figura 1: Evidencia uma das formas de surgimento do câncer.

Fonte: INCA, 2019.

Sobretudo, como argumenta Wang et al. (2015), é cada vez mais notório que as mudanças regulamentares desempenham um papel importante na determinação da diversidade fenotípica entre e dentro das espécies. Portanto, um entendimento completo de como evolui a regulação gênica terá impactos profundos em investigação básica e biomédica. No entanto, a evolução de estudos até o hoje sobre a regulação da tradução gene tem sido muito escassos, provavelmente devido à limitação técnica com a falta de abordagens eficientes e de alto rendimento para a tradução.

3.1 Evolução da regulação gênica durante a transcrição e tradução

Durante a evolução das espécies foi necessário que houvesse a existência de um aparato que garantisse a perpetuação das características adquiridas ao passar do tempo. Hoje se sabe que esse aparato nada mais é do que o ácido desoxirribonucleico (DNA), o qual é essencial para a sobrevivência de diversos seres vivos devido a sua capacidade de guardar e repassar informações para os descendentes (CROCKETTI, 2018).

A regulação genética, durante o repasse dessas informações de um organismo ancestral para o descendente, é responsável pela tradução da informação genômica estática em fenótipos de organismos dinâmicos, de modo mais específico, a molécula de DNA é incumbida de fazer os processos de transcrição e replicação. (WANG et al., 2015).

Entretanto, para o êxito nessa tarefa necessita de componentes intermediários, o RNA (ácido ribonucleico), que era considerado o único componente a mais que participava das ações supracitadas, a transcrição e replicação, mas posteriormente foi identificado outros da mesma classe: rRNA (RNA ribossômico), tRNA (RNA transportador), os ncRNA (RNA não codificantes), entre outros. Cada um atuando de forma singular na tradução das informações (CROCETTI, 2018). Isto é, alterações nestes componentes reguladoras poderiam levar a divergência translacional e assim, possível consequências fenotípicas (WANG et al., 2015).

Segundo Hershey (2010), a regulação do processo de transcrição do RNA é realizada em condições específicas, como o fator de transcrição eIF3 que determina a iniciação da transcrição através da fosforilação. Os seus níveis de fosforilação são estabelecidos tanto pelas proteínas quinases, muitas vezes eles próprios regulados por transdução de sinais, e por fosfoproteína fosfatases.

As causas genéticas de divergência de transcrição do gene pode ser geralmente classificados em duas categorias: 1) regulação do elemento Cis (por exemplo, mudanças na promotores e intensificadores), que afeta a expressão e RNAm estabilidade dos genes próximos no mesmo cromossomo; 2) regulação do elemento Trans, que resulta de divergência funcional de fatores de transcrição e cromatina, ou a partir de outros componentes que necessitam de sinal externo em mudanças de expressão gênica (WANG et al., 2015).

De acordo com Cunningham; Moreno; Ronen (2015), a capacidade de alterar a saída metabólica para cumprir a biossíntese e as demandas bioenergéticas de crescimento e proliferação celular é uma característica definidora das células cancerosas. As mudanças nos níveis de proteínas específicas envolvidas na síntese de proteínas podem afetar as taxas de conversão e o equilíbrio de proteínas produzidas. Assim, as mudanças sutis em tais mecanismos podem conduzir a estados de doença relacionados a erros de síntese proteica.

3.2 Síndromes de Silver-Russel mediada por erro de metilação

Naturalmente moléculas de RNA quando transcritas passam por um processo de adição de pares de bases e compostos químicos que protegem a estrutura do RNA e garante sua chegada ao citoplasma da célula em boas condições. Assim na metilação, ciclo observado na Figura 2, ocorrerá a adição de um grupo metil na ponta da cauda do transcrito primário de RNA contribui na flexibilidade da molécula, bem como na atividade de síntese proteica nos ribossomos (HOU; MASUDA, 2016).

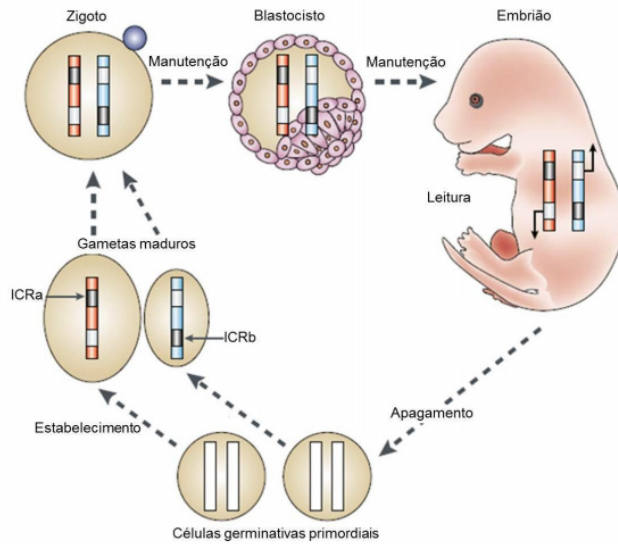


Figura 2: Ciclo de metilação no *imprinting* genômico. Cinza indica modificação e branco indica que não há modificação nos alelos correspondentes. Reprogramação do genoma humano: as marcas de *imprinting* pré-existentes são apagadas na formação das células germinativas primordiais. Durante a gametogênese, são estabelecidas as novas marcas, de acordo com a origem parental, que são mantidas no desenvolvimento.

Fonte: Estudo genético da síndrome de Silver-Russell – Dissertação de Mestrado (BONALDI, 2011), modificada de Reik e Walter, 2001.

É importante enfatizar que a regulação da expressão gênica é muitas vezes mediada por regiões de controle de impressão diferencialmente metiladas (ICRs) que são ligadas por proteínas diferentes de uma forma específicas do alelo, formando assim loops cromatina únicas que regulam interações intensificador-promotor, sendo essenciais os fatores que mantêm a metilação específica de alelo, para a regulação da transcrição adequada de genes impressos. Distúrbios do alelo-específico CTCF de ligação são causadores de distúrbios como a síndrome de Silver-Russell (SRS) (BONALDI, 2011).

Os distúrbios provocados por essa síndrome estão diretamente ligados ao erro de metilação do RNA, um alelo é impedido de receber metilação durante o processo de transcrição do material genético e acaba sendo comprometido o que posteriormente ocasiona a síndrome no indivíduo afetado (BOHNE et al., 2016).

3.3 Proteína e biossíntese de nucleotídeos são acopladas através de uma enzima com limitação, PRPS2, o que conduz ao câncer

De acordo com Cunningham; Moreno; Ronen (2015), a capacidade de alterar a saída metabólica para atender as demandas biossintéticas e bioenergéticas de crescimento e proliferação celular é uma característica definidora das células cancerosas. Por exemplo, o oncogênese Myc reprograma vários mecanismos celulares, incluindo aqueles que promovem a síntese de proteínas, glicólise, bem como a síntese de nucleotídeos, vital para manter a célula cancerosa viva. As células cancerígenas devem integrar múltiplas demandas biossintéticas para impulsionar a proliferação

indefinida. Além da fosforilação da maquinaria geral, as proteínas específicas podem regular uma ou toda classe de mRNAs, levando a estreitos mecanismos de controle traducional.

Por fim, no estudo de Cunningham et al. (2015), entende-se que as células sem PRPS2 Myc-super expressão têm uma capacidade para aumentar a reduzida síntese de proteínas, provavelmente como consequência da diminuição observada na produção de nucleotídeos que é necessária para sintetizar ribossomos, acabam estabelecendo um mecanismo de *feed-forward* que aumenta as taxas de síntese de proteínas aos nucleotídeos produzidos, a fim de sustentar seu crescimento contínuo.

3.4 Erros de transcrição relacionados ao controle da RNA Polimerase II

Nessas concepções de interlocuções, sugere-se também que a transcrição exata é um passo essencial no acesso a informação genética armazenada nos genes, sendo que em eucariotas, a transcrição de DNA em RNAm é realizada por RNA polimerase II, uma enzima composta por 12 subunidades. Embora tenha havido uma extensa pesquisa sobre núcleo da Pol II, incluindo informações sobre a estrutura bioquímica e detalhada, pouco se sabe sobre como a precisão da transcrição é controlada.

A taxa de incorporação de erros líquidos é estimada em cerca de um para 105 bases. Isto reflete na incorporação inicial por Pol II e mecanismos de edição subsequentes, alguns para o núcleo da polimerase e outros fatores de transcrição facilitados por telas diretas para mutações que reduzem a fidelidade da transcrição, têm sido difíceis devido à natureza transitória dos erros e da taxa relativamente alta de erros de tradução, particularmente nos codons sem sentido, que pode mascarar erros de transcrição (IRVIN et al., 2014).

Em suma, o Rpb1 e Rpb2 são os dois maiores subunidades Pol II com vários domínios estruturais e funcionais que estão implicadas na manutenção da fidelidade da transcrição, o primeiro contém o local ativo para a adição de nucleótidos, e, em conjunto, forma um sítio de ligação ao substrato e um DNA molde. Mutações no híbrido de RNA-DNA de fanda de ligação ou próximo do local de ligação do substrato causa aumento da ocorrência de inserções e deleções durante a transcrição através de tratos homopoliméricos (IRVIN et al., 2014).

Os erros cometidos durante a síntese dos RNAs mensageiros têm sido difíceis de detectar, tanto porque os mRNAs podem ter vida curta, quanto porque a tradução de mRNAs em proteínas tem uma taxa de erro muito maior que mascara os erros de transcrição. O mecanismo molecular da manutenção de fidelidade interrompido por esta mutação ainda não foi estabelecido. No entanto, vários mecanismos pelos quais Rpb1 regula fidelidade foram elucidados (IRVIN et al., 2014).

3.5 Expressão genética de carcinoma de células renais brancas

Carcinoma de células renais (CCR) é responsável por aproximadamente 5% de todas as neoplasias malignas e é considerado o câncer urológico mais letal. Nos

estágios iniciais, pode ser curado por ressecção cirúrgica, mas essa opção eficaz de tratamento está disponível para pacientes em estágio avançado. Até 30% dos casos têm metástase no diagnóstico inicial e 30% dos casos iniciais que estão com órgão-confinado irão desenvolver metástases durante o acompanhamento (OGLIO et al., 2010).

Há poucos relatos de estudos de expressão gênica em RCC tipo de células claras (RCC-CCT), que avaliaram o prognóstico. A maioria destes estudos utilizaram diferentes subtipos de carcinoma de células renais, o que é inadequado uma vez que têm diferentes vias de carcinogênese e comportamento clínico (OGLIO et al., 2010).

3.6 Reforço da transcrição por uma emenda de introns competentes relacionados ao promotor

Em estudo publicado por Agarwal e Ansari (2016), evidenciou-se que os íntrons promotores proximais, muitas vezes estimulam a transcrição de genes que os abrigam isto provoca um fenômeno de aumento da transcrição por um intron splicing-competente que é chamado de “realce intron mediada de transcrição” (IME), explicando que a expressão da versão de DNA de um gene é muito menos eficiente do que a sua contraparte contendo introns ativos em linhas de células de mamífero transfectados. O papel fisiológico exato dos íntrons ainda é desconhecido em sistemas biológicos, mesmo sabendo-se que uma das suas funções conservadas evolutivamente de introns em eucariotas é na regulação da produção de RNAm de um gene.

A análise do genoma revela que os promotores da maioria dos genes transcritos-RNAPII são bidirecionais, a transcrição inicia em ambos os sentidos e direções em relação a montante destes promotores. Transcrição em direção sentido produz RNAm, enquanto a montante de transcrição gera transcrições não codificantes chamadas RNAua (RNA antisense upstream) ou PROMPT (transcrição a montante promotor) (AGARWAL; ANSARI, 2016).

A transcrição do RNAm continua até a polimerase atingir a extremidade 3' do gene, enquanto que a síntese de RNAua é terminada quando a transcrição é apenas de algumas centenas a um milhão de quilobases de comprimento. Este fenômeno é referido como “promotor de direcionalidade”, acredita-se geralmente que a síntese RNAua em levedura é encerrado em uma poli (A) forma independente de pelo Nrd1-Nab3-Sen1 complexo. Em sistemas de mamífero, no entanto, RNAua transcrição é terminada pela mesma clivagem de máquinas de poliadenilação que interrompe a síntese de RNAm na extremidade 3' de um gene de uma forma dependente de poli (A) (AGARWAL; ANSARI, 2016).

3.7 Regulações da transcrição de pares de genes bidirecionais por 17β – estradiol em mcf 7- células de câncer de mama

Os estrógenos são cruciais para o desenvolvimento e manutenção dos órgãos

reprodutivos e desempenham papéis importantes em vários tecidos, incluindo ossos, os sistemas cardiovascular e nervoso. Na glândula mamária, os estrogênios medeiam processos fisiológicos importantes que são essenciais para o crescimento normal, diferenciação e sobrevivência. Um grande corpo de evidência mostra que os estrógenos, em especial 17 β -estradiol, também desempenham um papel central na formação da carcinogênese mamária (GARCIA; NAGAI, 2011).

A maioria dos efeitos de estrógenos sobre a proliferação celular, diferenciação, sobrevivência são mediados pelos receptores de estrogênio RctE e RpE através da regulação da transcrição de genes alvo. No mecanismo da ação clássica, o complexo receptor de estrogênio se liga com elevada afinidade a elementos de resposta ao estrogênio (ERES) na região promotora de genes alvo, interage com a maquinaria de transcrição basal, e regula a expressão de genes (GARCIA; NAGAI, 2011).

Muitas evidências indicam que pares de genes bidirecionais pode desempenhar um papel no câncer; genes de reparo de DNA que estão envolvidas na tumorigênese são frequentemente encontrados a ser organizados como pares de genes bidirecionais. Observou-se em estudo publicado por Garcia; Nagai (2011), que os perfis de câncer de ovário e de mama expressam um enriquecimento de pares de genes bidirecionais que incluem genes de DNA de reparação, tais como BRCA1, BRCA2, CKEK1 e membros da família. Além disso, o silenciamento de pares de genes bidirecionais por metilação do DNA tem sido encontrados em diversas linhas de células de cancro humanas e tumores primários da mama.

4 | CONCLUSÃO

Visto que a taxa de transcrição do gene é o maior determinante da sua expressão, os mecanismos moleculares pelos quais a transcrição gênica é regulada têm ganhado interesse crescente. Diante de uma diversidade de patologias que revelam o quão importante é estudar o material genético, percebeu-se que todos os materiais pesquisados são de grande riqueza de conhecimento e precisam ser cada vez mais explorados, logo as alterações sofridas pelo material genético são mediadas por erros que não podem ser impedidos.

Compreende-se que o câncer é uma das disfunções congênitas mais estudadas, pois engloba um campo de estudo diverso e por se tratar de uma proliferação celular desordenada que se não for rapidamente combatida provoca morte instantânea, bem como as disfunções mediadas por erros nos fatores de regulação da RNA polimerase. Percebeu-se uma grande diversidade de patologias genéticas causadas por erros de transcrição e tradução e o quão abrangente é em todo o mundo essas manifestações, não se podendo limitar-se apenas a determinada regiões, algo que é genético e sem cura.

REFERÊNCIAS

- AGARWAL, N.; ANSARI, A.. Enhancement of transcription by a splicing-competent intron is dependent on promoter directionality. **PLoS Genetics**, v. 12, n. 5, 2016.
- BOHNE, F. et al. Kaiso mediates human ICR1 methylation maintenance and H19 transcriptional fine regulation. **Clinical epigenetics**, v. 8, n. 1, p. 47, 2016.
- BONALDI, A. **Estudo genético da síndrome de Silver-Russell**. 2011. Tese de Doutorado. Universidade de São Paulo.
- CROCETTI, G. M. **Halobacterium salinarum NRC-1: rede de regulação gênica e sua análise probabilística**. 2018. Tese de Doutorado. Universidade de São Paulo.
- CUNNINGHAM, J. T. et al. Protein and nucleotide biosynthesis are coupled by a single rate-limiting enzyme, PRPS2, to drive cancer. **Cell Press**, v. 157, n. 5, p. 1088-1103, 2014.
- DALL OGLIO, M. F. et al. Gene expression profile of renal cell carcinoma clear cell type. **International braz j urol**, v. 36, n. 4, p. 410-419, 2010.
- GARCIA, S. A. B.; NAGAI, M. A. Transcriptional regulation of bidirectional gene pairs by 17- β -estradiol in MCF-7 breast cancer cells. **Brazilian Journal of Medical and Biological Research**, v. 44, n. 2, p. 112-122, 2011.
- HERSHEY, J. WB. Regulation of protein synthesis and the role of eIF3 in cancer. **Brazilian Journal of Medical and Biological Research**, v. 43, n. 10, p. 920-930, 2010.
- HOSMILLO, M. et al. Sapovirus translation requires an interaction between VPg and the cap binding protein eIF4E. **Journal of virology**, v. 88, n. 21, p. 12213-12221, 2014.
- IRVIN, J. D. et al. A genetic assay for transcription errors reveals multilayer control of RNA polymerase II fidelity. **PLoS Genetics**, v. 10, n. 9, 2014.
- LIU, W. et al. Genetic factors affecting gene transcription and catalytic activity of UDP-glucuronosyltransferases in human liver. **Human molecular genetics**, v. 23, n. 20, p. 5558-5569, 2014.
- ONUCHIC, A. C.; CHAMMAS, R. Câncer e o microambiente tumoral. **Revista de Medicina**, v. 89, n. 1, p. 21-31, 2010.
- PRADO, B. B. F. Influência dos hábitos de vida no desenvolvimento do câncer. **Ciência e Cultura**, v. 66, n. 1, p. 21-24, 2014.
- TIROSH, O. et al. The transcription and translation landscapes during human cytomegalovirus infection reveal novel host-pathogen interactions. **PLoS Pathogens**, v. 11, n. 11, 2015.
- WANG, Z. et al. Evolution of gene regulation during transcription and translation. **Genome biology and evolution**, v. 7, n. 4, p. 1155-1167, 2015.

ÍNDICE REMISSIVO

A

Aedes 9, 10, 11, 13, 18

Antineoplásicos 20

Arbovirose 9, 10, 11

E

Erros na transcrição do material genético 36

F

Febre amarela 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18

Ferimentos 54, 55, 56, 59, 61

G

Genotoxicidade 2, 4, 5, 6

I

Inflamação 20, 21, 22, 23, 26, 27, 30

Intestino 20

P

Plasma rico em plaquetas 53, 54, 55, 56, 58, 59, 60, 61, 62, 63

Poluentes atmosféricos 47, 48, 49

Poluição ambiental 47, 49, 50

Poluição do ar 47, 48, 49, 50

Profissionais de Saúde 18

R

Resíduos de gases anestésicos 2, 3, 4, 5, 7

Riscos ocupacionais 2, 4, 7

S

Sazonal 9, 11, 12, 16

Surtos 9, 11, 12, 13, 14, 15, 17

T

Transcrição gênica 36, 44

Tratamento 5, 20, 21, 24, 31, 43, 47, 49, 51, 54, 55, 56, 59, 60, 61

 **Atena**
Editora

2 0 2 0