

# Tópicos em ciências da saúde – volume iv

Aris Verdecia Peña

organizadora



**Aris Verdecia Peña**  
Organizadora

**TÓPICOS EM CIÊNCIAS DA SAÚDE**  
**VOLUME IV**



Pantanal Editora

2020

Copyright© Pantanal Editora  
Copyright do Texto© 2020 Os Autores  
Copyright da Edição© 2020 Pantanal Editora  
Editor Chefe: Prof. Dr. Alan Mario Zuffo  
Editores Executivos: Prof. Dr. Jorge González Aguilera  
Prof. Dr. Bruno Rodrigues de Oliveira

Diagramação: A editora

Edição de Arte: A editora. Imagens de capa e contra-capa: Canva.com

Revisão: Os autor(es), organizador(es) e a editora

#### Conselho Editorial

- Prof. Dr. Adaylson Wagner Sousa de Vasconcelos – OAB/PB
- Profa. Msc. Adriana Flávia Neu – Mun. Faxinal Soturno e Tupanciretã
- Profa. Dra. Albys Ferrer Dubois – UO (Cuba)
- Prof. Dr. Antonio Gasparetto Júnior – IF SUDESTE MG
- Profa. Msc. Aris Verdecia Peña – Facultad de Medicina (Cuba)
- Profa. Arisleidis Chapman Verdecia – ISCM (Cuba)
- Prof. Dr. Bruno Gomes de Araújo - UEA
- Prof. Dr. Caio Cesar Enside de Abreu – UNEMAT
- Prof. Dr. Carlos Nick – UFV
- Prof. Dr. Claudio Silveira Maia – AJES
- Prof. Dr. Cleberton Correia Santos – UFGD
- Prof. Dr. Cristiano Pereira da Silva – UEMS
- Profa. Ma. Dayse Rodrigues dos Santos – IFPA
- Prof. Msc. David Chacon Alvarez – UNICENTRO
- Prof. Dr. Denis Silva Nogueira – IFMT
- Profa. Dra. Denise Silva Nogueira – UFMG
- Profa. Dra. Dennyura Oliveira Galvão – URCA
- Prof. Dr. Elias Rocha Gonçalves – ISEPAM-FAETEC
- Prof. Me. Ernane Rosa Martins – IFG
- Prof. Dr. Fábio Steiner – UEMS
- Prof. Dr. Gabriel Andres Tafur Gomez (Colômbia)
- Prof. Dr. Hebert Hernán Soto Gonzáles – UNAM (Peru)
- Prof. Dr. Hudson do Vale de Oliveira – IFRR
- Prof. Msc. Javier Revilla Armesto – UCG (México)
- Prof. Msc. João Camilo Sevilla – Mun. Rio de Janeiro
- Prof. Dr. José Luis Soto Gonzales – UNMSM (Peru)
- Prof. Dr. Julio Cezar Uzinski – UFMT
- Prof. Msc. Lucas R. Oliveira – Mun. de Chap. do Sul
- Prof. Dr. Leandris ArgenteL-Martínez – Tec-NM (México)
- Profa. Msc. Lidiene Jaqueline de Souza Costa Marchesan – Consultório em Santa Maria
- Prof. Msc. Marcos Pisarski Júnior – UEG
- Prof. Dr. Mario Rodrigo Esparza Mantilla – UNAM (Peru)
- Profa. Msc. Mary Jose Almeida Pereira – SEDUC/PA
- Profa. Msc. Nila Luciana Vilhena Madureira – IFPA
- Profa. Dra. Patrícia Maurer
- Profa. Msc. Queila Pahim da Silva – IFB
- Prof. Dr. Rafael Chapman Auty – UO (Cuba)
- Prof. Dr. Rafael Felipe Ratke – UFMS
- Prof. Dr. Raphael Reis da Silva – UFPI

- Prof. Dr. Ricardo Alves de Araújo – UEMA
- Prof. Dr. Wéverson Lima Fonseca – UFPI
- Prof. Msc. Wesclen Vilar Nogueira – FURG
- Profa. Dra. Yilan Fung Boix – UO (Cuba)
- Prof. Dr. Willian Douglas Guilherme – UFT

#### Conselho Técnico Científico

- Esp. Joacir Mário Zuffo Júnior
- Esp. Maurício Amormino Júnior
- Esp. Tayronne de Almeida Rodrigues
- Esp. Camila Alves Pereira
- Lda. Rosalina Eufrausino Lustosa Zuffo

#### Ficha Catalográfica

<b>Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)</b> <b>(eDOC BRASIL, Belo Horizonte/MG)</b>	
T674	Tópicos nas ciências da saúde [recurso eletrônico] : volume IV / Organizadora Aris Verdecia Peña. – Nova Xavantina, MT: Pantanal, 2020. 89p.  Formato: PDF Requisitos de sistema: Adobe Acrobat Reader Modo de acesso: World Wide Web ISBN 978-65-88319-39-0 DOI <a href="https://doi.org/10.46420/9786588319390">https://doi.org/10.46420/9786588319390</a>  1. Ciências da saúde. 2. Farmacológicos. 3. Saúde. I. Peña, Aris Verdecia. CDD 610
<b>Elaborado por Maurício Amormino Júnior – CRB6/2422</b>	

O conteúdo dos e-books e capítulos, seus dados em sua forma, correção e confiabilidade são de responsabilidade exclusiva do(s) autor (es) e não representam necessariamente a opinião da Pantanal Editora. Os e-books e/ou capítulos foram previamente submetidos à avaliação pelos pares, membros do Conselho Editorial desta Editora, tendo sido aprovados para a publicação. O download e o compartilhamento das obras são permitidos desde que sejam citadas devidamente, mas sem a possibilidade de alterá-la de nenhuma forma ou utilizá-la para fins comerciais, exceto se houver autorização por escrito dos autores de cada capítulo ou e-book com a anuência dos editores da Pantanal Editora.



#### **Pantanal Editora**

Rua Abaete, 83, Sala B, Centro. CEP: 78690-000. Nova Xavantina – Mato Grosso – Brasil.  
 Telefone (66) 99682-4165 (Whatsapp).  
<https://www.editorapantanal.com.br>  
[contato@editorapantanal.com.br](mailto:contato@editorapantanal.com.br)

## APRESENTAÇÃO

Queria o destino que neste novo volume do “Tópicos nas ciências da saúde - Volume IV” apresentássemos vários tópicos dos diferentes ramos da medicina que não são menos importantes pela ordem de aparecimento, começemos com uma patologia que anualmente tira a vida dos nossos neonatos; doença cardíaca congênita, que está entre as principais causas de morte nessa idade. Como fiéis guardiães da saúde pública, apresentamos a vocês um trabalho realizado por um grupo de enfermeiras que auxiliam e protegem a vida de nossa população feminina, sobre a atuação da enfermeira forense no atendimento às vítimas de violência familiar, fenômeno bastante frequente, embora não é sempre relatado.

Para todos nós, 2020 tem sido um ano muito difícil porque fomos atacados em todo o mundo por um novo vírus que veio paralisar nosso planeta Terra desde seu surgimento na China; É como todos sabem sobre o MERS-COV 19, pela primeira vez os jogos olímpicos, jogos de futebol, viagens internacionais foram suspensos, pois neste tópico de saúde apresentamos uma proposta para obter vacinas contra este vírus e a seguir a apresentação e análise de alvos para endonucleases de restrição em genomas de bacteriófagos de diferentes famílias por um algoritmo biofarmacêutico, que pode servir como material de estudo para nossa comunidade científica.

Apresentamos também as diferentes utilidades que *Stachytarpheta cayennensis* tem na medicina alternativa e pela primeira vez na área de estomatologia, a aplicação de oleozon tópico em canais radiculares infectados, como alternativa de tratamento.

Agradecemos aos autores pela dedicação e os encorajamos a continuar colaborando em nosso projeto. Aos autores dos capítulos, pela dedicação e esforços sem limites, que viabilizaram esta obra que retrata os recentes avanços científicos e tecnológicos na área de Ciências da Saúde, os agradecimentos da Organizadora e da Pantanal Editora. Por fim, esperamos que este e-book possa colaborar e instigar mais estudantes e pesquisadores na constante busca de novas tecnologias e avanços para a medicina. Assim, garantir uma difusão de conhecimento fácil, rápido para a sociedade.

Esperamos que goste deste novo volume e desejamos uma boa leitura.

**Aris Verdecia Peña**


## SUMÁRIO


<b>Apresentação</b> .....	4
<b>Capítulo I</b> .....	6
Mortalidade infantil causada por cardiopatias congênitas .....	6
<b>Capítulo II</b> .....	11
Atuação do Enfermeiro Forense na Assistência à vítima de violência doméstica .....	11
<b>Capítulo III</b> .....	28
Mecanismos de virulência de <i>Candida albicans</i> .....	28
<b>Capítulo IV</b> .....	44
Desenvolvimento de potenciais vacinas contra o SARS-CoV-2 (COVID-19) .....	44
<b>Capítulo V</b> .....	57
Caracterização do “estudo da arte” da <i>Stachytarpheta cayennensis</i> (Rich.) Vahl .....	57
<b>Capítulo VI</b> .....	70
Identificação e análise de alvos para endonucleases de restrição em genomas bacteriófagos de diferentes famílias por algoritmo de bioinformática .....	70
<b>Capítulo VII</b> .....	78
Aplicación del Oleozon® tópico en conductos radiculares infectados .....	78
<b>Índice Remissivo</b> .....	89

# Identificação e análise de alvos para endonucleases de restrição em genomas bacteriófagos de diferentes famílias por algoritmo de bioinformática

Recebido em: 30/10/2020

Aceito em: 13/11/2020

 10.46420/9786588319390cap6

Antonio Fialho da Silva Neto<sup>1\*</sup> 

Herison Victor Lima Muniz<sup>1</sup> 

Matheus Silva Alves<sup>1</sup> 

## INTRODUÇÃO

As enzimas de restrições (ou endonucleases de restrição) foram descobertas em meados de 1970, e são capazes de clivar o DNA em regiões específicas. As enzimas de restrições reconhecem sequências específicas de nucleotídeos do DNA e cortam a molécula no momento em que as reconhecem, produzindo extremidades coesivas. Normalmente, o local onde esses segmentos são cortados formam uma região palíndromo de DNA (Moreira, 2014; Ceccato, 2015; Paixão, 2019).

Foi identificado que essas enzimas estavam presentes em bactérias que conseguiam resistir às infecções dos vírus (bacteriófagos), sintetizando enzimas que clivavam o material genético viral, fragmentando-o em pequenos pedaços inofensivos. Quando as enzimas identificam os locais denominados de locais de restrições, quase sempre compostos entre 4-6 nucleotídeos, elas clivam a ligação fosfodiéster e nas extremidades coesivas podem haver pareamento por complementariedade, quando existe resultantes da ação de mesma enzima (Moreira, 2014).

Os bacteriófagos ou fagos são vírus que possuem a capacidade de infectar células bacterianas e matá-las com alto poder de eficiência e podem ser encontrados em diferentes ecossistemas. A principal função dos bacteriófagos consiste na capacidade de gerar lise celular ou transferir o seu material genético para as bactérias, provocando alterações na composição microbiana (Elbreki et al., 2014; Young et al., 2014).

Foram descobertos mais de 5500 tipos de bacteriófagos, e cada um destes mostram potenciais de infectar um ou mais tipos de bactérias. São classificados como parasitas intracelulares obrigatórios da célula bacteriana e possuem diferentes ciclos biológicos de replicação como lítico e lisogênico. A taxonomia é determinada por famílias, levando em consideração as suas morfologias e tamanhos, sendo a maioria

<sup>1</sup> Universidade Ceuma, São Luís, Maranhão, Brasil.

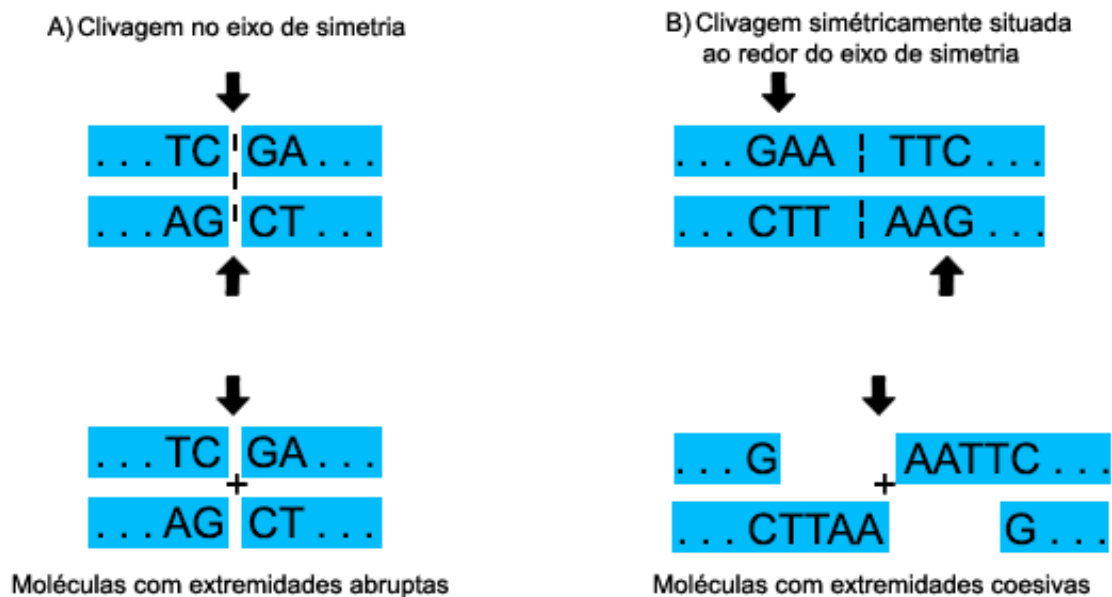
\* Autor(a) correspondente: antoniofialho16@gmail.com

constituído por material genético de DNA de fita dupla, entretanto, alguns grupos possuem ssDNA, ssRNA e dsRNA (Nunes, 2017).

No processo de replicação, especificamente no ciclo lítico, o vírus insere parte do seu material genético na célula bacteriana alvo, ocorrendo a montagem e liberação de partículas em grandes quantidades, ocasionado a perda da integridade da membrana plasmática bacteriana. Em contrapartida, no ciclo lisogênico, o vírus insere seu material genético na célula e posteriormente o seu DNA integra-se ao DNA da célula hospedeira, e durante esse processo o vírus é chamado de pró-fago, provocando o desenvolvimento de células-filhas com material genômico do bacteriófago (Huescas, 2017).

A Bioinformática é definida como uma ciência que utiliza meios computacionais para solucionar problemas biológicos através do armazenamento, processamento, análise e previsão de dados biológicos. Ainda, pode ser definida como uma área interdisciplinar, envolvendo diferentes áreas como biologia, ciência da computação, física, matemática e medicina (Silveira, 2005; Alves, 2013).

Ainda assim, a Bioinformática oferece a utilização de algoritmos computacionais, diferentes tipos de bancos de dados e ferramentas estatísticas para o desenvolvimento de softwares (Araújo et al., 2005). Por isso, a presente pesquisa tem por objetivo identificar e analisar alvos para endonucleases de restrição em genomas bacteriófagos de diferentes famílias por algoritmo de bioinformática.



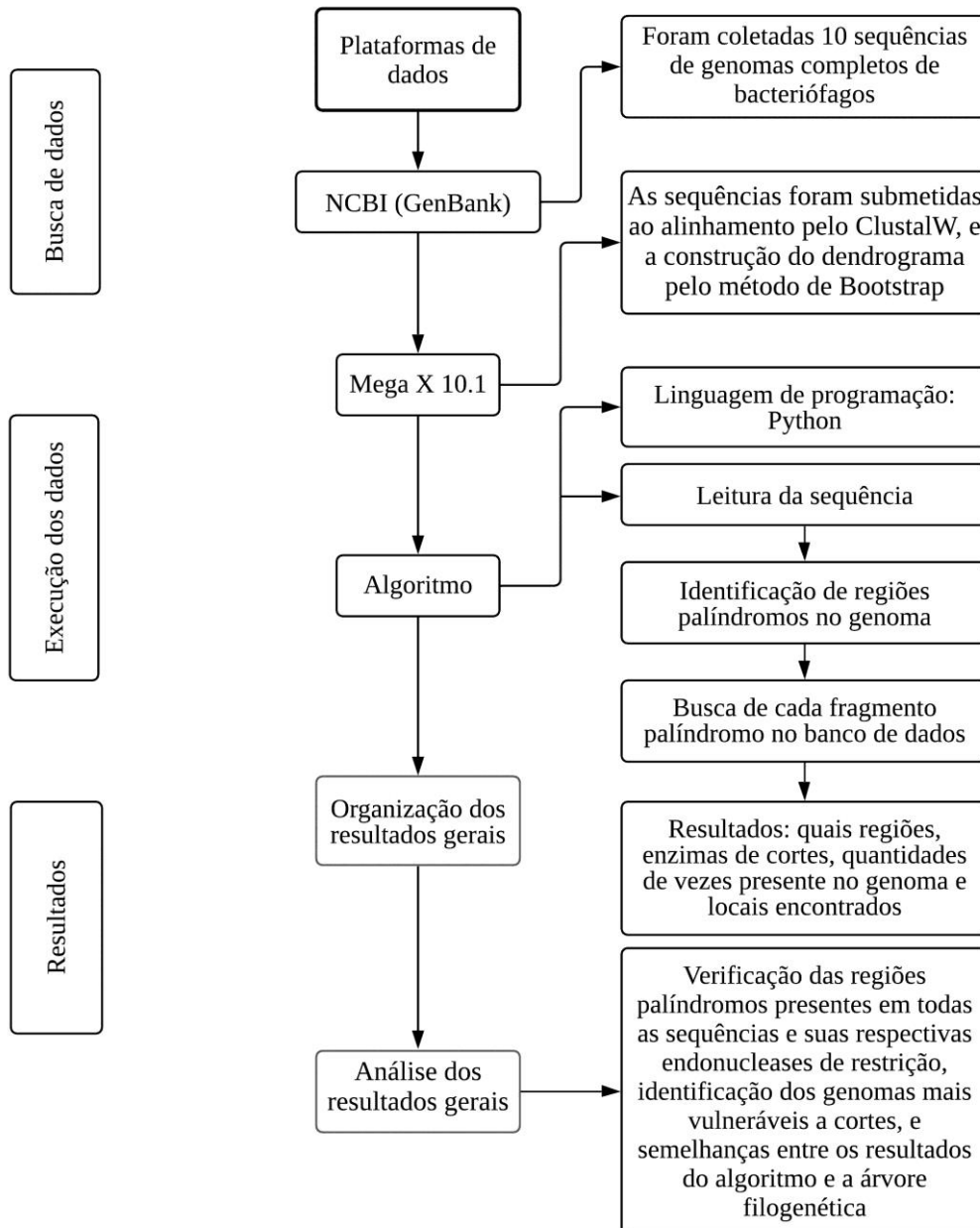
**Figura 1.** Clivagens das endonucleases de restrição. Fonte: os autores.

## MATERIAL E MÉTODOS

Foram coletadas 10 sequências de genomas completos de bacteriófagos de diferentes famílias no banco de dados do National Center for Biotechnology Information (NCBI). Em seguida, as sequências foram submetidas ao software MEGA X 10.1 (<https://www.megasoftware.net/>) para montagem da



árvore filogenética. As mesmas sequências foram analisadas por um algoritmo desenvolvido pelos próprios autores desta pesquisa utilizando a linguagem de programação Python 3.9.0 (<https://www.python.org>), tendo como funções identificar, quantificar e relatar as posições de cada região palíndromo presente nos genomas.



**Figura 2.** Fluxograma detalhado da metodologia. Fonte: os autores.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na Tabela 1, é possível observar o código de identificação, a espécie e a família de cada genoma dos bacteriófagos coletados para o ensaio *in silico* do estudo proposto. É demonstrado que algumas

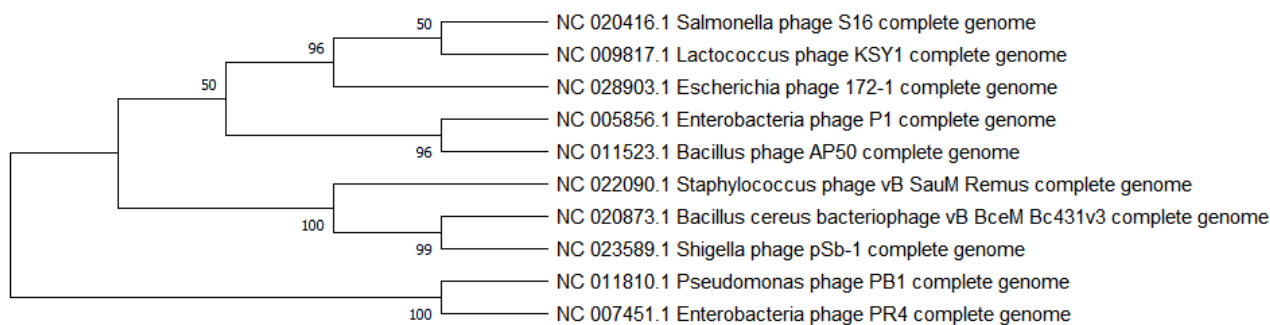
espécies pertencem à mesma família de bacteriófagos e outras estão presentes em famílias diferentes, apresentando um grupo amostral bastante amplo em relação a filogenia.

**Tabela 1.** Identificação das sequências e suas famílias. Fonte: os autores.

ID	Espécies	Família
NC_020873.1	<i>Bacillus cereus bacteriophage</i>	<i>Herelleviridae</i>
NC_005856.1	<i>Enterobacteria phage P1</i>	<i>Myoviridae</i>
NC_011810.1	<i>Pseudomonas phage PB1</i>	<i>Myoviridae</i>
NC_020416.1	<i>Salmonella phage S16</i>	<i>Myoviridae</i>
NC_022090.1	<i>Staphylococcus phage Remus</i>	<i>Myoviridae</i>
NC_011523.1	<i>Bacillus phage AP50</i>	<i>Tectiviridae</i>
NC_007451.1	<i>Enterobacteria phage PR4</i>	<i>Tectiviridae</i>
NC_028903.1	<i>Escherichia phage 172-1</i>	<i>Podoviridae</i>
NC_009817.1	<i>Lactococcus phage KSY1</i>	<i>Podoviridae</i>
NC_023589.1	<i>Shigella phage pSb-1</i>	<i>Podoviridae</i>

\*ID = identificador.

A partir do alinhamento pelo método de ClustalW e da criação do dendrograma pelo método de Bootstrap no software MEGA X 10.1, foi construído uma árvore filogenética, onde é demonstrado o grau de parentesco entre as espécies analisadas a partir de suas sequências genômicas (Figura 3).



**Figura 3.** Dendrograma dos bacteriófagos estudados. Fonte: os autores.

Para a criação do dendrograma, ferramentas como ClustalW e Bootstrap são conhecidamente importantes na fidedignidade para a construção de árvores filogenéticas. De acordo com Caldart et al. (2016), o Bootstrap é a técnica mais utilizada para avaliar a confiança numa árvore filogenética, pois este método baseia-se na repetição da análise de filogenia sobre sua pseudoréplica do alinhamento original.

Conforme Aiyar (2000), o CustalW é uma ferramenta capaz de realizar alinhamento de múltiplas sequências, seja de ácido nucléico ou proteína, com o objetivo de identificar sequências com funções biológicas conservadas.

Desta forma, os resultados demonstraram semelhanças entre espécies em distintas famílias, sugerindo graus de parentesco que são contrários à filogenia descrita na literatura, como é demonstrado na Tabela 1. De acordo com Ríos-Sandoval (2019), os fagos podem apresentar características morfológicas distintas e possuir diferentes hospedeiros, mas podem possuir mapas genéticos homólogos.

As sequências foram lidas pelo algoritmo de bioinformática que identifica fragmentos no genoma que formam palíndromos (Figura 1). Segundo Ceccato (2015), no livro *Biologia Molecular*, a autora faz uma comparação de um palíndromo de DNA como um reflexo do espelho. Ou seja, uma região é identificada como palíndromo, quando o inverso da fita complementar for igual a sequência pesquisada.

Sendo assim, a partir da leitura do algoritmo foi possível identificar fragmentos palíndromos de 4 a 6 nucleotídeos, e comparando-as ao banco de dados criado pelos próprios autores através de uma coleta na literatura e deposição em arquivo de texto formatado com as sequências conhecidas, para identificação de fragmentos palíndromos que possuem as endonucleases de restrição. Desta maneira, obtivemos os seguintes resultados descritos na Tabela 2.

**Tabela 2.** Regiões palíndromos nos genomas de bacteriófagos. Fonte: os autores.

Sequências amostrais	Quantidade de tipos de regiões palíndromos encontrados	Regiões palíndromos associadas a endonucleases de restrição
NC_007451.1	54	27
NC_011523.1	77	40
NC_020873.1	171	49
NC_028903.1	171	55
NC_022090.1	185	57
NC_023589.1	168	58
NC_011810.1	184	64
NC_009817.1	186	65
NC_005856.1	215	70
NC_020416.1	245	70

Na Tabela 2, é possível observar que algumas sequências de bacteriófagos demonstraram quantidades maiores de tipo de alvos de enzimas de restrição, quando comparado com as demais sequências. Sendo assim, a sequência NC\_007451.1 da espécie *Enterobacteria phage PR4* foi a que apresentou a menor quantidade de alvos de clivagem por enzimas de restrição, quando comparado ao resto do grupo amostral. Por outro lado, as sequências NC\_005856.1 da espécie *Enterobacteria phage P1* e NC\_020416.1 da

espécie *Salmonella phage S16*, foram as que mais apresentaram tipo de alvos para corte de enzimas de restrição, sendo mais susceptível à essa clivagem.

Analisando novamente a Tabela 2 a nível de filogenia, vamos observar que as duas sequências que demonstraram menos alvos, pertencem a família *Tectiviridae*, e as duas sequências que apresentaram maior quantidade de alvos, pertencem a família *Myoviridae*, e esse resultado pode se refletir através da distância genética entre as famílias. Segundo Reddy et al. (2019) e Das, et al. (2018), os bacteriófagos pertencentes à família *Tectiviridae*, possuem um genoma de 15kb, enquanto a família *Myoviridae* abriga espécies que apresentam um genoma de 60 a 170kb.

Ainda sobre os resultados executados pelo algoritmo, foram identificadas vinte formas de regiões palíndromos que estavam presentes em todos os genomas. Esses resultados foram coletados e catalogados com suas respectivas endonucleases de restrição e os microrganismos que às sintetizam, como é demonstrado na Tabela 3.

**Tabela 3.** Vinte regiões palíndromos presentes em todos os genomas de bacteriófagos. Fonte: os autores.

<b>Regiões palíndromos</b>	<b>Enzimas</b>	<b>Microrganismos responsáveis</b>
<b>TTAA</b>	MseI	<i>Micrococcus</i>
<b>AATT</b>	MluCI	<i>Micrococcus luteus</i>
<b>GCGC</b>	HhaI	<i>Haemophilus haemolyticus</i>
	HinP1I	<i>Haemophilus influenzae</i> P1
<b>ACGT</b>	HpyCH4IV	<i>Helicobacter pylori</i> CH4
<b>CGCG</b>	BstUI	<i>Bacillus stearothermophilus</i> U458
<b>AGCT</b>	AluI	<i>Arthrobacter luteus</i>
<b>GTAC</b>	RsaI	<i>Rhodospseudomonas sphaeroides</i>
	CviQI	<i>Chlorella</i> NC64A (NY-2A)
<b>TGCA</b>	HpyCH4V	<i>Helicobacter pylori</i> CH4
<b>CCGG</b>	HpaII	<i>Haemophilus parainfluenzae</i>
<b>TCGA</b>	TaqI-v2	<i>Thermus aquaticus</i>
<b>CATG</b>	FatI	<i>Flavobacterium aquatile</i> NL3
	CviAII	<i>Chlorella</i> PBCV-1
	NlaIII	<i>Neisseria lactamica</i> (NRCC 2118)
<b>CTAG</b>	BfaI	<i>Bacteroides fragilis</i> (VPI 3392)
<b>TGTACA</b>	BsrGI	<i>Bacillus stearothermophilus</i> GR75
<b>ACATGT</b>	PciI	<i>Planococcus citreus</i> SE-F45
<b>TTATAA</b>	PsiI-v2	<i>Pseudomonas</i> SE-G49
<b>AATATT</b>	SspI	<i>Sphaerotilus</i> (ATCC 13925)
<b>TCATGA</b>	BspHI	<i>Bacillus</i> H
<b>CAATTG</b>	MfeI	<i>Mycoplasma fermentans</i>
<b>TTTAAA</b>	DraI	<i>Deinococcus radiophilus</i> (ATCC 27603)

<b>ATTAAT</b>	AseI	<i>Aquaspirillum serpens</i> (ATCC 12638)
---------------	------	-------------------------------------------

Avaliando apenas o material genético dos bacteriófagos estudados, é possível afirmar que os microrganismos listados na Tabela 3 seriam os menos susceptíveis à infecção celular, pois apresentaram uma enzima de restrição que tem como alvo regiões palíndromos presente em todos os grupos estudados. Todavia, é válido ressaltar que conforme Rossi (2010), existem outros fatores agregados a essa susceptibilidade, como a capacidade dos bacteriófagos de aderir e inocular seu material genético.

No que diz respeito as análises entre os resultados do dendrograma e das regiões palíndromos, não houve semelhanças entre ambos, pois a árvore filogenética construída se mostrou controversa em relação a filogenia apresentada na literatura.

## CONSIDERAÇÕES FINAIS

Foi possível obter os dados das regiões palíndromos presentes em todos os genomas, demonstrando o funcionamento do algoritmo desenvolvido, através da comparação com a literatura. As análises demonstraram que vinte sequências palíndromos apresentavam-se em todas as sequências genômicas amostrais, além dos resultados de possíveis suscetibilidades dos genomas, onde bacteriófagos demonstravam maior ou menor quantidade de alvos para endonucleases de restrição. Por fim, há necessidade de mais estudos sobre endonucleases de restrição, além da criação de bancos de dados maiores com enzimas caracterizadas, e que possibilite a adição de novas enzimas encontradas, pois existe diversas regiões palíndromos que não estão associadas a endonucleases de restrição, possibilitando assim, encontrar uma quantidade maior de alvos.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Aiyar A (2000). The use of CLUSTAL W and CLUSTAL X for multiple sequence alignment. *Methods in Molecular Biology*, 132(11): 221-241.
- Alves SM (2013). A bioinformática e sua importância para a biologia molecular. *Revista Brasileira de Educação e Saúde*, 3(4): 18-25.
- Araújo DAM et al. (2005). Genômica e Bioinformática: Importância e perspectivas para o Nordeste. *Ciência e Cotidiano*, 1: 5-9.
- Caldart et al. (2016). Análise filogenética: conceitos básicos e suas utilizações como ferramenta para virologia e epidemiologia molecular. *Acta Scientiae Veterinariae*, 44: 1392.
- Ceccato VM (2015). *Biologia molecular*. 2 ed. Fortaleza: EdUCE. 139p.
- Das S et al (2019). Structural analysis and proteomics studies on the Myoviridae vibriophage M4. *Archives of Virology*, 164(2): 523-534.

- Elbreki et al. (2014). A Bacteriophages and their derivatives as biotherapeutic agents in disease prevention and treatment. *Journal of Viruses*, 2014:1.
- Huecas CGY (2017). Detecção de CRISPRs em *Enterococcus faecalis* e *Enterococcus faecium* e bacteriófagos PHI2AB, PHI3AB e PHI4A de *Enterococcus faecalis* isolados a partir de amostras alimentares, animais e clínicas. Programa de Pós-Graduação em Microbiologia Agrícola e do Ambiente (dissertação), Porto Alegre. 88f.
- Moreira C (2014). Enzima de restrição. *Revista de Ciência Elementar*, 2(2): 033.
- Nunes BG (2017). Bacteriógrafos e infecção: uma revisão bibliográfica. Instituto Superior de Ciências da Saúde Egas Monis (tese), Almada. 57p.
- Paixão LE (2019). Terapia gênica no tratamento de doenças. Universidade Federal de Ouro Preto (monografia), Ouro Preto. 51f.
- Reddy HKN et al. (2019). Electron cryo-microscopy of bacteriophage PR772 reveals the elusive vertex complex and the capsid architecture. *eLife*, 8: e48496.
- Ríos-Sandoval M (2019). Caracterización genómica, morfológica y replicativa del bacteriófago  $\varphi$ XaF18 de *Xanthomonas vesicatoria*. Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco (tese), Zapopan. 96p.
- Rossi LPR et al. (2010). Bacteriófagos para controle de bactérias patogênicas em alimentos. *Revista do Instituto Adolfo Lutz*, 69(2): 151-156.
- Silveira NJF (2005). Bioinformática estrutural aplicada ao estudo de proteínas alvo do genoma do *Mycobacterium tuberculosis*. São José do Rio Preto, 2005. Universidade Estadual Paulista. Instituto de Biociências, Letras e Ciências Exatas (tese), São José de Ouro Preto. 117f.
- Young R (2014). Phage lysis: Three steps, three choices, one outcome. *Journal of Microbiology*, 52(3): 243-258.

## ÍNDICE REMISSIVO

### A

aceite vegetal, 80  
agentes antimicrobianos, 78  
algoritmo, 4, 70, 71, 72, 74, 75, 76  
atenuado, 50, 52

### B

bacteriófagos, 4, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77  
biofilme, 32, 35, 36, 37  
bioinformática, 71, 76, 77

### C

*Candida albicans*, 28, 29, 39, 40, 41, 42, 43, 61  
cardiopatas congênitas, 6, 7, 8, 9, 10  
conductos radiculares, 78, 80, 83, 84, 85, 86, 87, 88  
coronavírus, 44, 45, 47, 49, 56  
COVID-19, 44, 45, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56  
criança, 7, 8, 9

### D

dientes, 78, 83, 84, 85, 86, 88  
DNA, 38, 50, 54, 70, 71, 74

### E

endonucleases de restrição, 70, 71, 74, 75, 76  
enfermagem, 6, 9, 10, 12, 13, 15, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26  
enzimas de restrição, 74

### F

filogenia, 73, 74, 75, 76  
forense, 4, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26

### G

genomas, 4, 70, 71, 74, 75, 76

### L

lactante, 7  
levedura, 29, 31, 35, 36

### M

mortalidade, 6, 7, 10  
mulher, 11, 13, 14, 15, 16, 20, 26, 27

### N

notificação, 15, 17, 18, 25

### O

odontologia, 79, 80, 87, 88  
ozonoterapia, 79, 85, 86, 87, 88

### P

pandemia, 44, 45, 47  
propiedades terapêuticas, 80

### R

recém-nascido, 7  
regiões palíndromos, 74, 75  
resistência, 28, 30, 33, 34, 35, 37

### S

SARS-CoV-2, 44, 45, 47, 50, 52, 53, 54, 55, 56  
subunidades, 47, 51, 52

### V

vacinas, 4, 44, 45, 50, 51, 52  
vetores, 50  
violência doméstica, 11, 12, 13, 14, 17, 18, 20, 21, 23, 24  
virulência, 28, 29, 30, 31, 37, 42, 49  
vírus, 4, 30, 44, 47, 48, 49, 50, 52, 70, 71

 **ARIS VERDECIA PEÑA**



Médica (Oftalmologista) especialista em Medicinal Geral (Cuba) e Familiar (Brasil). Mestre em Medicina Bioenergética e Natural. Professora na Facultad de Medicina # 2., Santiago de Cuba.



ISBN 978-658831939-0



9 786588 319390

**Pantanal Editora**

Rua Abaete, 83, Sala B, Centro. CEP: 78690-000  
Nova Xavantina – Mato Grosso – Brasil  
Telefone (66) 99682-4165 (Whatsapp)  
<https://www.editorapantanal.com.br>  
[contato@editorapantanal.com.br](mailto:contato@editorapantanal.com.br)

