



NORMAS PARA INSCRIÇÃO DE TRABALHOS NO

VI SIMPÓSIO SERGIPANO DE MICROBIOLOGIA / II ENCONTRO DE CONTROLE DE QUALIDADE MICROBIOLÓGICA

Os interessados podem apresentar painéis com trabalhos inéditos ou de revisão nas áreas de Bacteriologia, Micologia, Virologia e Ensino de Microbiologia durante evento.

1. As inscrições de trabalhos (resumos) encerram-se em **21 de outubro** às 23h e 59min.
2. Para a inscrição e apresentação de cada trabalho, **pelo menos um dos autores deve estar inscrito no Simpósio.**

3. **Os resumos devem apresentar obrigatoriamente a seguinte seqüência:**

IDENTIFICAÇÃO; INTRODUÇÃO; METODOLOGIA; RESULTADOS; CONCLUSÕES.

Introdução: visão geral sobre o assunto com definição dos objetivos do trabalho, indicando a relevância da pesquisa; **Metodologia:** procedimentos empregados na realização do trabalho; **Resultados:** resultados obtidos a partir dos métodos aplicados; **Conclusões:** baseiam-se nos dados obtidos no item resultados, em resposta aos objetivos da pesquisa.

4. **Indicar o órgão financiador entre parênteses** (quando for o caso) e 3 palavras-chave.

5. **O resumo deve ser escrito em português e ter as seguintes características:**

- formato **Word** for Windows;

- fonte **Arial**, tamanho **12**;

- espaçamento **simples** entrelinhas;

- tamanho da página: **A4**;

- margem **superior** = **3 cm**;

- margem **inferior** = **2 cm**;

- margens **direita e esquerda** = **3 cm**;

- no **mínimo 250 palavras** e no **máximo 500 palavras**. OBS: Para verificar os limites em seu resumo, utilize o comando do Word: Ferramentas/ Contar palavras / Palavras (resultado).

6. O **título** do trabalho deve vir **em letras maiúsculas em negrito**; seguido do nome dos **autores** com **letra inicial maiúscula** e as demais minúsculas, usando o formato: último sobrenome completo, seguido das iniciais do nome e demais sobrenomes. Se houver vários autores, os nomes devem ser separados por ponto e vírgula. O nome do apresentador deve estar sublinhado. Além disso, deve ser colocada a numeração em seqüência de cada um dos autores logo após o nome

para indicação lotação na instituição de origem e e-mail do último autor, que deve ser o orientador. Deve ser pulada uma linha entre o título e o resumo.

7. O resumo deve ser encaminhado anexo para o e-mail: microimuno_dmo@hotmail.com. O recebimento do resumo será confirmado por e-mail.
8. **As informações devem ser solicitadas pelo e-mail: microimuno_dmo@hotmail.com ou pelo telefone 2105-6618.**
9. Os autores receberão resposta via e-mail sobre a aceitação do trabalho até o dia 01 de novembro de 2012.
10. **A apresentação dos trabalhos aprovados será na forma de pôster no hall da reitoria/UFS, no dia 08 de novembro de 2012, de 14:00 às 16:00h.**

MODELO DE RESUMO

AMPLIFICAÇÃO DO GENE DE VP1 DO VÍRUS DA HEPATITE A (VHA) POR RT-PCR Santos, M I S¹; Silva, MRSR¹; Batista, MVA²; Cândido, AL¹

¹Programa de Pós-Graduação em Ciências da Saúde, Depto. de Morfologia, CCBS - UFS, São Cristóvão-SE, E-mail: virologiacomparada@hotmail.com

²Depto. de Biologia – UFS, São Cristóvão-SE

A infecção pelo vírus da Hepatite A (VHA) é a mais freqüente causa entre as hepatites virais em todo o mundo, sendo propagada principalmente pela via fecal-oral com surtos da doença ocasionados por água ou alimento contaminado. A endemicidade do vírus é alta em países em desenvolvimento com graves problemas sanitários como o Brasil. O genoma do VHA é semelhante ao dos demais membros da família Picornaviridae, consistindo de RNA fita simples com 7,5 kb que contém regiões distintas: as regiões 5' e 3' não-codificantes (NCR), a região P1, que codifica as proteínas estruturais VP1, VP2, VP3, e VP4 putativa, e as regiões P2 e P3 codificadoras de proteínas não-estruturais associadas com a replicação viral. VP1 é a maior, mais acessível e variável proteína de superfície das partículas virais maduras que alberga, dentre outros, o principal sítio imunodominante de VHA. Estudos de evolução molecular baseados na seqüência completa de VP1 (900 bp) mostram propriedade desta para caracterizar amostras de picornavírus humanos e símios, possibilitando inclusive tipagem antigênica. Com o objetivo de amplificar o segmento da ORF viral correspondente à VP1 foram desenvolvidos oligonucleotídeos iniciadores, denominados LVCHAV03-F (GTTGGAGATGATTCTGGAGG) e LVCHAV04-R (CTCAAATCTTTTATCTTCCTCTG), baseados na seqüência de VHA depositada no GenBank NCBI acesso NC_001489. O RNA viral foi extraído utilizando proteinase K, segundo protocolo do LVC/DMO/UFS ainda não publicado. O cDNA foi obtido seguindo protocolo do sistema SuperScrip II RNase H⁻ Reverse Transcriptase. A amplificação consistiu em três estágios: desnaturação inicial a 94°C por 2 minutos seguidos de decréscimo da temperatura para 80° por 30 segundos (Hot Start), um segundo estágio composto de 35 ciclos de 95°C por 1 minuto, 53 °C por 1 minuto e 72°C por 1 minuto e meio; e um estágio de extensão final a 72°C por 5 minutos. O produto da reação foi visualizado após eletroforese em gel de poliacrilamida 4%, TBE 1 X a 110 V durante uma hora e meia, corado pelo PlusOne DNA Silver Staining Kit e comparado com fragmentos de 100 bp DNA Ladder. A reação de síntese de DNA *in vitro* a partir de RNA viral, utilizando os iniciadores LVCHAV03-F e LVCHAV04-R, produziu um amplicon de 900 bp correspondente ao fragmento gênico de VP1 confirmado pelos perfis de restrição gerados por *Bam* H I, *Eco* R I, *Hae*III e *Hinf* I esperados pela análise computacional. Conseqüentemente, o amplicon pode ser clonado e seqüenciado para fins de análise

filogenética de amostras de VHA. Além disso, amostras ambientais comumente contêm poucas partículas virais, tornando métodos sensíveis como sondas moleculares baseadas na detecção de ácidos nucleicos recomendáveis à detecção e ao monitoramento molecular ambiental do vírus. (UFS, CNPq, FAP-SE)

Palavras-chave: Vírus da Hepatite A, VP1-VHA, RT-PCR.

NORMAS PARA A APRESENTAÇÃO DO PÔSTER

Os resumos aceitos deverão ser apresentados obrigatoriamente sob a forma de **pôster**, que deverá ter as seguintes características:

Dimensão: 1,20m de altura por 1,00m de largura

Título: o mesmo utilizado no resumo, escrito em letras maiúsculas que permitam sua leitura a 3,00m de distância; sugere-se fonte Arial, tamanho 100 ou maior.

Autores: logo abaixo do Título, escritos em letra maiúscula, começando com os sobrenomes seguidos das iniciais dos nomes, separando por vírgulas os autores, sendo o autor apresentador destacado por um asterisco; sugere-se fonte Arial, tamanho 30.

Instituição Participante: imediatamente na linha seguinte aos autores, escrita em itálico, junto com a cidade e o estado ao qual pertence. Omitir as referências a Departamento, Divisão, Setor ou equivalente. Quando mais de uma Instituição estiver envolvida, indicar com número o autor pertencente a cada uma delas; sugere-se fonte Arial, tamanho 20.

Corpo: constituído pelos Objetivos, Metodologia, Resultados e Conclusões do trabalho, e ser escrito com o mínimo possível de texto e com o máximo possível de ilustrações, como tabelas, figuras, esquemas e fotos; sugere-se fonte Arial, tamanho 20.

Apoio financeiro: se houver; sugere-se fonte Arial, tamanho 20.

Contato: e-mail e telefone do autor apresentador ou do coordenador do trabalho; sugere-se fonte Arial, tamanho 20.

Não deve ser enviado mais de um resumo baseado em um mesmo trabalho de investigação.

O autor apresentador receberá (1) um certificado comprovando a apresentação do resumo. Este certificado conterà o título do resumo e seus autores.