

Publicação de resumo em congresso

1) “Experiences in Executing Data-Intensive Bioinformatics Experiments in the Santos Dumont Supercomputer”, BioCarla 2021. Publicado em Setembro de 2021.

Experiences in Executing Data-Intensive Bioinformatics Experiments in the Santos Dumont Supercomputer ^{*}

Ocaña, K.¹, Terra, R.¹, Cruz, L.^{1,2}, Cleim, A.^{1,2}, Freire, G.^{1,3}, Cabral, M.^{1,4},
Coelho, M.¹, Galheigo, M.¹, Carneiro, A.¹, Fagundes, B.¹, Carvalho, D.²,
Cardoso, D.², Gadelha, L.¹, Zanon-Boito, F.⁵, Osthoff, C.¹, and Navaux, P.⁶

¹ National Laboratory of Scientific Computing, LNCC, Brazil

² Federal Center for Technological Education Celso Suckow da Fonseca, CEFET-RJ,
Brazil

³ Technical School Support Foundation, FAETEC, Brazil

⁴ Federal University of Rio de Janeiro, UFRJ, Brazil

⁵ LaBRI, University of Bordeaux, Inria, France

⁶ Federal University of Rio Grande do Sul, UFRGS, Brazil

Abstract. In recent years, large-scale bioinformatics data from high-throughput sequencing are increasingly raising the levels of demand in computing power and storage. Processing data often requires the use of High-Performance Computing (HPC) resources such as supercomputers to extract knowledge from raw phylogenetics and RNA-Seq data. We aim at initiating a discussion on supercomputing in bioinformatics analysis, especially on the need for computational workflows capable of efficiently orchestrating these analyses on supercomputing clusters. As bioinformatics software in workflows may treat large volumes of data, handling independent or communicating tasks across heterogeneous computational environments is a common requirement. Workflow Management Systems (WfMSs) provide mechanisms to track data provenance and execution history of obtaining a scalable, efficient, and reliable computing performance. The changing landscape of scientific experiments has created a need to follow the standard of Findable, Accessible, Interoperable, and Reproducible (FAIR) principles for tools, workflows, and dataset sharing protocols. In this abstract, we present Parsl-based applications employed in supercomputing bioinformatics, covering phylogeny and RNA-Seq analyses, and discuss challenges and future works. The Parsl (Parallel Scripting Library) Python library manages and executes data-oriented workflows in parallel on clusters. We present two bioinformatics workflows implemented using Parsl to illustrate how it can satisfy the needs of different application domains focusing on workflow management, performance, and scalability issues on SDumont. The parsl-based phylogenetic workflow supports aligning and tree calculations in approximately 10 applications that communicate through files. There are opportunities for parallelism because first, the workflow is often executed on many samples

^{*} Supported by FAPERj, CNPq, Santos Dumont at LNCC, and INRIA.

2) “Towards Provenance Support in the BioinfoPortal Gateway”, EAMC 2022. Publicado em Janeiro de 2022.

Anais do XV Encontro Acadêmico de Modelagem Computacional.
Laboratório Nacional de Computação Científica, 22 a 25 de Fevereiro de 2022.



Towards Provenance Support in the BioinfoPortal Gateway

Marco Cabral¹, Marcelo Galheigo¹, Antônio Gomes¹ and Kary Ocaña¹

¹ National Laboratory of Scientific Computing, Petrópolis/RJ, Brazil

Abstract

Science gateways are user-centric environments that integrate diverse technologies, pulling together advanced computing resources, storage, databases, management systems, job submission systems, and scientific software into a unified working environment. Gateways include Web interfaces, APIs, and middleware that provide access to software and data [2]. Implementing these technologies broadly depends on the science domain a gateway gives support to. In this work, we look at a bioinformatics scientific gateway called BioinfoPortal [1], which runs atop the Santos Dumont supercomputer. This paper proposes the integration of data from the users, from the application executions, and from the HPC resources in a centralized provenance database. Such data may be used, e.g., to control caching, to detect transmission errors, to configure a job using a specific application (e.g., RAxML), to run the job efficiently on the HPC resources (including the choice of the best resources in the available HPC infrastructure), and to retrieve results. The database has been designed to have additional provenance data and metadata management services. By creating intelligence to analyze BioinfoPortal data collection, improvements in performance related to file management, job submission, or accounting interfaces can be achieved. We discuss choices we have made and reflect on criteria to design science gateways efficiently. The idea is to craft optimized machine learning models to improve efficiency in terms of speed, memory, and storage of processes in BioinfoPortal.

Keywords: Web Computing and Applications, Large Scale Scientific Computing, Bioinformatics

References

- [1] K. Ocaña, M. Galheigo, C. Osthoff, L. Gadelha, F. Porto, A. Gomes, D. Oliveira, and A. Vasconcelos. BioinfoPortal: A scientific gateway for integrating bioinformatics applications on the Brazilian national HPC network. *FGCS*, 107:192–214, 2020.
- [2] M. Pierce, M. Miller, E. Brookes, M. Wong, E. Afgan, Y. Liu, S. Gesing, M. Dahan, T. Walker, and S. Marru. Towards a science gateway reference architecture. *CEUR Workshop Proc.*, 2357, 2019. 10th Int. Workshop on Science Gateways, IWSG 2018.

Contato: Kary Ocaña, karyann@lncc.br

3) “Updating Services at the BioinfoPortal Scientific Gateway: Provenance Databases as a Key”, CARLA 2022. Publicado em Setembro de 2022.

Updating Services at the BioinfoPortal Scientific Gateway: Provenance Databases as a Key

Marco Cabral¹, Marcelo Galheigo¹, Antônio Tadeu A. Gomes¹, Kary Ocaña¹

National Laboratory of Scientific Computing, LNCC, Rio de Janeiro, Brazil
{macabral, galheigo, atagomes, karyann}@lncc.br

Keywords: Scientific Gateways · HPC · Bioinformatics.

1 Introduction

BioinfoPortal¹ is a scientific gateway that follows the Software as a Service delivery model and supports the parallel and distributed executions of bioinformatics software and workflows [1, 3]. BioinfoPortal manages the automatic execution of applications, tools, and collections of scientific data through a user-friendly and iterative web interface and the various layers of the gateway software.

BioinfoPortal is coupled to the Santos Dumont² (SDumont) supercomputer environment [2], the main computational resource of the Brazilian National System for High-Performance Computing (SINAPAD).³ BioinfoPortal uses, via RESTful Web services, the CSGrid middleware [4] to allow for the extraction, management, and processing of data in each job submission.

The present work proposes to update the composition and improve the interconnection of the several layers in the BioinfoPortal architecture. The project's main objectives are: (i) to implement an updated database schema in BioinfoPortal, which stores provenance of bioinformatics applications and executions in SDumont and (ii) to develop several services used to extract, manage, and integrate data information extracted from the several layers of BioinfoPortal.

2 Methodology

Upgrade Scenario 1 - Database with the Gateway. This scenario involves extending the database schema for the gateway. Currently, the database is composed by 15 entities (Fig. 1), only *Files* and *Execution* belonging from the previous BioinfoPortal database. Entities included in the updated database version aim at managing and accessing provenance and performance metadata, extracted from the various layers of the BioinfoPortal architecture.

Upgrade Scenario 2 - RESTful services. RESTful web services connect the BioinfoPortal architecture to the CSGrid and SDumont environments. Data

¹ <https://bioinfo.lncc.br/>

² <https://sdumont.lncc.br/>

³ <http://www.lncc.br/sinapad>

4) “Serviços de Atualização no Gateway BioinfoPortal: Suporte ao Bancos de dados de Proveniência”, EAMC 2023. Publicado em Janeiro de 2023.

Anais do XVI Encontro Acadêmico de Modelagem Computacional.
Laboratório Nacional de Computação Científica, 14 a 17 de Fevereiro de 2023.



Serviços de Atualização no Gateway BioinfoPortal: Suporte ao Bancos de dados de Proveniência

Marco Cabral¹, Marcelo Galheigo¹, Antônio Gomes¹ e Kary Ocaña¹

¹ National Laboratory of Scientific Computing, Petrópolis/RJ, Brazil

Abstract

Os *gateways* científicos são ambientes centrados no usuário que integram diversas tecnologias, reunindo recursos avançados de computação, armazenamento, bancos de dados, sistemas de gerenciamento, sistemas de envio de trabalhos e software científico em ambiente *Web* de trabalho unificado. Os *gateways* incluem interfaces *Web*, *APIs* e *middleware* que fornecem acesso a *software* e dados [2]. A implementação dessas tecnologias depende amplamente do domínio científico ao qual um *gateway* oferece suporte. Neste trabalho, apresentamos um portal científico de bioinformática chamado BioinfoPortal [1], que está acoplado ao ambiente do supercomputador Santos Dumont (SDumont), principal recurso computacional do Sistema Nacional de Computação de Alto Desempenho (SINAPAD). O BioinfoPortal utiliza, via RESTful *Web Services*, o *middleware* CSGrid para permitir a extração, gerenciamento e processamento de dados em cada envio de trabalho. Este trabalho propõe a integração dos dados dos usuários, das execuções das aplicações e dos recursos da computação de alto desempenho (CAD) em um banco de dados de proveniência centralizado. Esses dados podem ser usados, por exemplo, para controlar o *cache*, detectar erros de transmissão, configurar um trabalho usando um aplicativo específico (por exemplo, o *software* de bioinformática RAxML), executar o trabalho com eficiência nos recursos CAD e recuperar resultados. O banco de dados foi projetado para ter dados de proveniência adicionais e serviços de gerenciamento de metadados. A implementação de serviços e do banco de dados atualizado permite melhorias no desempenho e funcionalidade do BioinfoPortal em termos de armazenamento, velocidade e funcionalidades relacionadas às interfaces de gerenciamento de arquivos, envio de trabalhos e contabilidade. A integração dos sistemas ao banco de dados centralizado visa tornar mais eficiente a coleta e o gerenciamento dos dados do BioinfoPortal.

Keywords: Computação Web e Aplicações, Computação Científica em Larga Escala, Bioinformática

Outras atividades presentes no Lattes.

1) “Utilização de culturas mistas e eliciação química para induzir a biossíntese de produtos naturais por actinobactérias endofíticas”, SIAC 2019. Publicado em Outubro de 2019.



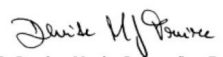
Certificamos que o trabalho UTILIZAÇÃO DE CULTURAS MISTAS E ELICIAÇÃO QUÍMICA PARA INDUZIR A BIOSÍNTESE DE PRODUTOS NATURAIS POR ACTINOBACTÉRIAS ENDOFÍTICAS foi apresentado no formato PÔSTER na 10ª Semana de Integração Acadêmica da UFRJ.

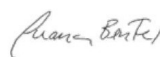
Autores: LETÍCIA MENDES e MARCO ANTONIO SILVA CABRAL

Orientadores: FERNANDA OLIVEIRA DAS CHAGAS.

Rio de Janeiro, 21 de Março de 2023


Profª. Gisele Viana Pires
Pró-Reitora de Graduação


Profª. Denise Maria Guimarães Freire
Pró-Reitora de Pós-Graduação e Pesquisa


Profª. Ivana Bentes Oliveira
Pró-Reitora de Extensão

REALIZAÇÃO



UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO DE JANEIRO

PR-1 | Pró-Reitoria de Graduação
PR-2 | Pró-Reitoria de Pós-Graduação e Pesquisa
PR-5 | Pró-Reitoria de Extensão

APOIO



A autenticidade deste certificado pode ser confirmada através do seguinte endereço: <https://certificados.sistemasiac.ufrj.br/verificar/>, digitando-se o seguinte código: 6AZWXJ.

ARTIGO: 3512

TÍTULO: UTILIZAÇÃO DE CULTURAS MISTAS E ELICIAÇÃO QUÍMICA PARA INDUZIR A BIOSÍNTESE DE PRODUTOS NATURAIS POR ACTINOBACTÉRIAS ENDOFÍTICAS

MODALIDADE DE APRESENTAÇÃO: Pôster

RESUMO:

Os produtos naturais apresentam diversas atividades biológicas e são fundamentais fontes de agentes terapêuticos para doenças infecciosas bacterianas e fúngicas, câncer, distúrbios lipídicos e imunomodulação. Uma nova biota que vem sendo estudada e que apresenta resultados promissores em termos de produção de metabólitos bioativos são os micro-organismos endofíticos: micro-organismos que habitam tecidos vegetais por todo ou parte de seu ciclo de vida. Apesar da diversidade de compostos já isolados de actinobactérias endofíticas, o potencial biossintético desses micro-organismos ainda é pouco conhecido. Há diversos produtos naturais de bactérias e fungos ainda não descobertos, uma vez que o número de genes biossintéticos é claramente superior a quantidade de metabólitos conhecidos oriundos desses micro-organismos. Isso indica que alguns desses genes não estão sendo expressos nas condições laboratoriais de cultivos, e precisam de estímulos específicos para serem ativados. Logo, estudos aprofundados desses genes silenciosos, aliados com a indução de metabólitos secundários através da interação com outros micro-organismos e por eliciação química, são de extrema importância. O projeto de pesquisa em questão tem como objetivo geral induzir alterações metabólicas da linhagem endofítica de actinobactérias *Streptomyces* sp. em consequência das alterações de cultivo e identificar os metabólitos bioativos induzidos.

As linhagens de actinobactérias foram cultivadas em diferentes meios sólidos, como ISP-2, A1M1 e DS tanto para mono quanto para co-culturas, e os eliciadores químicos utilizados foram os antibacterianos apramicina e kanamicina. Foram realizados ensaios de MIC para determinar a concentração mínima inibitória dos eliciadores frente às linhagens de actinobactérias. Uma vez conhecida essa concentração, os eliciadores foram incorporados no meio de cultura em placa de Petri. Tanto nas mono como nas co-culturas, o perfil biológico foi avaliado e o perfil químico foi analisado através de técnicas de HPLC, LC-MS e RMN. Os cultivos promissores serão ampliados, para obter quantidades suficientes de extratos para o isolamento, purificação, e elucidação das substâncias de interesse.

EQUIPE: LETÍCIA MENDES, MARCO ANTONIO SILVA CABRAL, FERNANDA OLIVEIRA DAS CHAGAS

Resumo disponível no link (página 408) :

<https://sistemas2.macaee.ufrj.br/10siac/cadernoController/gerarCadernoResumo/35000000>

2) “CHEIRA AQUI!”, SIAC 2019. Publicado em Outubro de 2019.



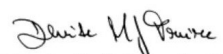
Certificamos que o trabalho CHEIRA AQUI! foi apresentado no formato OFICINA na 10ª Semana de Integração Acadêmica da UFRJ.


Integrantes: PAULO CÉZAR PRADO, GABRIELLA COSTA MACHADO DA CRUZ, LETÍCIA MENDES, MARÍLIA DA SILVA SOUZA, ANA CAROLINA BASTOS DE SOUZA, MARCO ANTONIO SILVA CABRAL, FRANCISCO FELIPE BEZERRA, RICARDO BORGES, LUIZIANNE PEREIRA ALVES e CAROLINE EVANGELISTA NOGUEIRA DOS SANTOS

Coordenação e Orientação: FERNANDA OLIVEIRA DAS CHAGAS e FERNANDA DAS NEVES COSTA.

Rio de Janeiro, 21 de Março de 2023


Profª. Gisele Viana Pires
Pró-Reitora de Graduação


Profª. Denise Maria Guimarães Freire
Pró-Reitora de Pós-Graduação e Pesquisa


Profª. Ivana Bentes Oliveira
Pró-Reitora de Extensão

REALIZAÇÃO



UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO DE JANEIRO

PR-1 | Pró-Reitoria de Graduação
PR-2 | Pró-Reitoria de Pós-Graduação e Pesquisa
PR-5 | Pró-Reitoria de Extensão

APOIO



A autenticidade deste certificado pode ser confirmada através do seguinte endereço: <https://certificados.sistemasiac.ufrj.br/verificar/>, digitando-se o seguinte código: 6NLGRB.

ARTIGO: 2685

TÍTULO: CHEIRA AQUI!

MODALIDADE DE APRESENTAÇÃO: Oficina

RESUMO:

Na natureza existem diferentes órgãos das plantas que trazem em sua essência, substâncias com odores muito agradáveis aos seres humanos. Estes aromas naturais possuem grande interesse em indústrias alimentícias, cosméticos e principalmente de perfumes. Tão grande é o interesse das indústrias nestas substâncias naturais que pesquisas são direcionadas a produção sintética destes aromatizantes visando obtê-los em larga escala e com menor preço relativo à sua extração do meio natural.

Ésteres são uma classe de compostos largamente distribuídos na natureza, sendo que a grande maioria dos ésteres voláteis tem gostos e fragrâncias agradáveis. Assim, por exemplo, os odores de uma variedade de ésteres se assemelham ao aroma de frutas e bebidas, tornando esta classe atrativa no setor de produção de aromatizantes artificiais. Somente pessoas com alta percepção olfativa podem diferenciar os aromas naturais dos artificiais.

A fim de que assuntos discutidos em aulas de química sejam compreendidos significativamente por um público heterogêneo, este trabalho tem como objetivo introduzir os conceitos relacionados a classe dos ésteres, utilizando, para isso, uma atividade lúdica atrelada ao contexto cotidiano: aromas naturais e artificiais.

A oficina “Cheira aqui” será dividida em quatro momentos. O primeiro momento será referente a exposição (cartazes ilustrativos) de diferentes substâncias cotidianas que apresentam aromas naturais e artificiais focando na justificativa da produção de ésteres como aromatizantes sintéticos.

O segundo momento será caracterizado por uma atividade lúdica referente a adivinhação do aroma (natural ou artificial) exalado por alimentos cotidianos; a brincadeira será feita em dupla e cada participante terá uma cinta atrelada na cabeça; uma carta contendo o desenho de um alimento do dia-a-dia será encaixada na cinta de forma que somente o adversário da brincadeira veja a gravura; o jogador adversário dará uma informação, por rodada, a respeito de características da imagem (forma, cor); quem adivinhar primeiro e souber responder se o alimento tem aroma natural ou artificial produzido por éster, vence. O terceiro momento refere-se a chance do “perdedor” provar seu valor: esse escolherá um de sete frascos para adivinhar o cheiro imitado pelo éster contido.

Para avaliar a sequência didática da oficina como método de desenvolvimento da aprendizagem significativa de conceitos de ésteres para um público heterogêneo, uma pequena atividade ilustrativa será aplicada no quarto momento: a atividade consiste na classificação de determinados alimentos cotidianos em alimentos com aroma natural ou alimentos com aroma artificial produzido por éster.

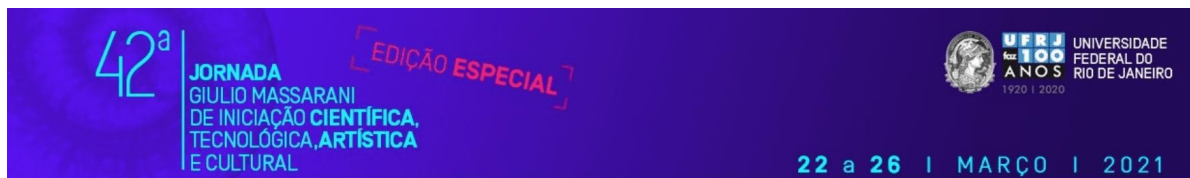
Devido a importância da decodificação de conceitos químicos no cotidiano, a oficina “Cheira aqui!” tem o objetivo de promover a aprendizagem significativa referente a conceitos relacionados aos ésteres, utilizando como recurso didático uma atividade lúdica atrelada a aromas naturais e artificiais.

EQUIPE: PAULO CÉZAR PRADO, FERNANDA OLIVEIRA DAS CHAGAS, FERNANDA DAS NEVES COSTA, GABRIELLA COSTA MACHADO DA CRUZ, LETÍCIA MENDES, MARÍLIA DA SILVA SOUZA, ANA CAROLINA BASTOS DE SOUZA, MARCO ANTONIO SILVA CABRAL, FRANCISCO FELIPE BEZERRA, RICARDO BORGES, LUIZIANNE PEREIRA ALVES, CAROLINE EVANGELISTA NOGUEIRA DOS SANTOS

Resumo disponível no link (página 306) :

<https://sistemas2.macaee.ufrj.br/10siac/cadernoController/gerarCadernoResumo/35000000>

3) “Análises de clusters gênicos biossintéticos através de ferramentas de bioinformática, JICTAC 2021. Publicado em Fevereiro de 2021.

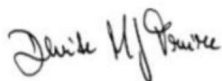


Verifique o código de autenticidade 4896179.2968935.057733.5.07513727507986833998 em <https://www.even3.com.br/documentos>

CERTIFICADO

Certificamos que **Marco Antonio Silva Cabral** apresentou o trabalho **Análises de clusters gênicos biossintéticos através de ferramentas de bioinformática** de autoria de **Marco Antonio Silva Cabral** na XLII Jornada Giulio Massarani de Iniciação Científica, Tecnológica, Artística e Cultural (JICTAC 2020 - Edição Especial), realizada de 22 a 26 de março de 2021.

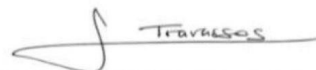
Rio de Janeiro, 04 de maio de 2021



Profa. Denise Maria Guimarães Freire
Pró-reitora de Pós-graduação e Pesquisa / UFRJ



Profa. Gisele Viana Pires
Pró-reitora de Graduação / UFRJ



Prof. Leonardo Holanda Travassos Corrêa
Coordenador da JICTAC / UFRJ

RESUMO APRESENTAÇÃO ORAL CURTA - CENTRO DE CIÊNCIAS DE
SAÚDE (CCS)/FARMÁCIA

**ANÁLISES DE CLUSTERS GÊNICOS BIOSINTÉTICOS ATRAVÉS DE
FERRAMENTAS DE BIOINFORMÁTICA**

Marco Antonio Silva Cabral (marcoantonios.c@hotmail.com)

Análises de clusters gênicos biossintéticos através de ferramentas de bioinformática

Com os passar dos anos, a necessidade de fármacos capazes de curar, amenizar doenças ou estirpes resistentes de microrganismos, estimularam a procura de novas fontes de produtos naturais bioativos (Walsh et al., 2010). Cada vez mais, tanto na medicina quanto na química, tem-se estudos buscando-se a produção de fármacos bioativos, possivelmente derivados de metabólitos secundários (Newman et al. , 2020).

Metabólitos secundários são os intermediários e produtos do metabolismo, geralmente moléculas pequenas e que não compõem o esqueleto básico do organismo. Geralmente produzidos durante a fase tardia de crescimento (idiofase) dos microrganismos, com diversas estruturas químicas e atividades biológicas. Os metabólitos secundários de micro-organismos são codificados por genes que são encontrados agrupados (em clusters) no genoma desses organismos. Com a bioinformática se tornou possível estudar os milhares de clusters de genes biossintéticos (BGCs) em sequência genômica e amplamente informativos sobre as classes de compostos que os mesmos

4) “Sistemas de comercialização para cestas agroecológicas”, SIAC 2022. Publicado em Fevereiro de 2022.



ARTIGO: 2685

TÍTULO: CHEIRA AQUI!

MODALIDADE DE APRESENTAÇÃO: Oficina

RESUMO:

Na natureza existem diferentes órgãos das plantas que trazem em sua essência, substâncias com odores muito agradáveis aos seres humanos. Estes aromas naturais possuem grande interesse em indústrias alimentícias, cosméticas e principalmente de perfumes. Tão grande é o interesse das indústrias nestas substâncias naturais que pesquisas são direcionadas a produção sintética destes aromatizantes visando obtê-los em larga escala e com menor preço relativo à sua extração do meio natural.

Ésteres são uma classe de compostos largamente distribuídos na natureza, sendo que a grande maioria dos ésteres voláteis tem gostos e fragrâncias agradáveis. Assim, por exemplo, os odores de uma variedade de ésteres se assemelham ao aroma de frutas e bebidas, tornando esta classe atrativa no setor de produção de aromatizantes artificiais. Somente pessoas com alta percepção olfativa podem diferenciar os aromas naturais dos artificiais.

A fim de que assuntos discutidos em aulas de química sejam compreendidos significativamente por um público heterogêneo, este trabalho tem como objetivo introduzir os conceitos relacionados a classe dos ésteres, utilizando, para isso, uma atividade lúdica atrelada ao contexto cotidiano: aromas naturais e artificiais.

A oficina “Cheira aqui” será dividida em quatro momentos. O primeiro momento será referente a exposição (cartazes ilustrativos) de diferentes substâncias cotidianas que apresentam aromas naturais e artificiais focando na justificativa da produção de ésteres como aromatizantes sintéticos.

O segundo momento será caracterizado por uma atividade lúdica referente a adivinhação do aroma (natural ou artificial) exalado por alimentos cotidianos: a brincadeira será feita em dupla e cada participante terá uma cinta afivelada na cabeça; uma carta contendo o desenho de um alimento do dia-a-dia será encaixada na cinta de forma que somente o adversário da brincadeira veja a gravura; o jogador adversário dará uma informação, por rodada, a respeito de características da imagem (forma, cor); quem adivinhar primeiro e souber responder se o alimento tem aroma natural ou artificial produzido por éster, vence. O terceiro momento refere-se a chance do “perdedor” provar seu valor: esse escolherá um de sete frascos para adivinhar o cheiro imitado pelo éster contido.

Para avaliar a sequência didática da oficina como método de desenvolvimento da aprendizagem significativa de conceitos de ésteres para um público heterogêneo, uma pequena atividade ilustrativa será aplicada no quarto momento: a atividade consiste na classificação de determinados alimentos cotidianos em alimentos com aroma natural ou alimentos com aroma artificial produzido por éster.

Devido a importância da decodificação de conceitos químicos no cotidiano, a oficina “Cheira aqui!” tem o objetivo de promover a aprendizagem significativa referente a conceitos relacionados aos ésteres, utilizando como recurso didático uma atividade lúdica atrelada a aromas naturais e artificiais.

EQUIPE: PAULO CÉZAR PRADO, FERNANDA OLIVEIRA DAS CHAGAS, FERNANDA DAS NEVES COSTA, GABRIELLA COSTA MACHADO DA CRUZ, LETÍCIA MENDES, MARÍLIA DA SILVA SOUZA, ANA CAROLINA BASTOS DE SOUZA, MARCO ANTONIO SILVA CABRAL, FRANCISCO FELIPE BEZERRA, RICARDO BORGES, LUIZIANNE PEREIRA ALVES, CAROLINE EVANGELISTA NOGUEIRA DOS SANTOS

Resumo disponível no link (página 76) :

<https://sistemas2.macaee.ufrj.br/11siac/cadernoController/gerarCadernoResumo/36000000>