**ANÁLISE GENÔMICA DE VARIANTES ASSOCIADAS À OBESIDADE EM POPULAÇÕES BRASILEIRAS** [Caracteres do título (com espaço): até 200 caracteres (sem abreviações [exemplo: DPOC], em negrito com texto em CAIXA ALTA)]

Silva-Oliveira, S ¹\*, Orientador¹, ² [Máximo de 10 autores, e o autor principal deve ser listado como o primeiro autor. O orientador do trabalho deve ser listado como o último autor. Todos os autores citados no resumo devem ser registrados no MEVITIH-2024]

¹Laboratório de Genômica e Biologia Molecular, Universidade X.

²Departamento de Genética, Universidade X.

[máximo duas (2) para cada autor]

\*Autor correspondente: [sicrano.s.oliveira@gmail.com](mailto:sicrano.s.oliveira@gmail.com) [deve ser sinalizado com um asterisco (\*)]

**Introdução:** A obesidade é uma condição complexa influenciada por fatores genéticos e ambientais, com variações genéticas desempenhando um papel crucial na predisposição individual. Em populações diversas como a brasileira, a análise genômica se torna essencial para identificar variantes específicas que contribuem para o risco aumentado de obesidade. Este estudo foca na identificação e caracterização de variantes genômicas nos genes FTO, MC4R e TMEM18, analisando como essas variações ocorrem em diferentes grupos étnicos no Brasil e como elas impactam o índice de massa corporal (IMC) e a adiposidade, fornecendo insights para abordagens personalizadas na prevenção e tratamento da obesidade [apresente uma síntese do tópico]. **Objetivo**: identificar variantes genômicas associadas à obesidade em populações brasileiras e avaliar suas variações de frequência alélica entre diferentes grupos étnicos [seu objetivo geral da pesquisa]. **Materiais e Métodos:** Para este estudo, foram coletadas amostras de DNA de 500 indivíduos representando diversas regiões do Brasil. O sequenciamento de exoma foi realizado para identificar variantes genéticas associadas ao IMC elevado. As análises estatísticas incluíram mapeamento de associação genômica ampla (GWAS) e modelagem de risco poligênico. As variantes identificadas nos genes FTO, MC4R e TMEM18 foram analisadas quanto à frequência alélica entre diferentes grupos étnicos, incluindo populações de ascendência europeia, africana e indígena [descreva brevemente os métodos usados em seu estudo]. **Resultados:** Os resultados mostraram a identificação de variantes significativas nos genes FTO, MC4R e TMEM18, associadas ao aumento do IMC. Houve diferenças marcantes na frequência alélica dessas variantes entre as populações de ascendência europeia, africana e indígena. Em um total de 500 indivíduos, 45% das variantes foram mais prevalentes em pessoas de ascendência europeia, 35% em africanas e 20% em indígenas. Essas diferenças foram correlacionadas com variações nos perfis de adiposidade e metabolismo energético entre os grupos, sugerindo uma influência genética distinta na predisposição à obesidade em cada população [apresente seus principais achados, incluindo quaisquer dados estatísticos relevantes]. **Conclusão:** Este estudo contribui para a compreensão da predisposição genética à obesidade em populações diversas e ressalta a importância de considerar a variabilidade genética em estratégias de intervenção e prevenção [resuma suas principais conclusões e a relevância de sua pesquisa].

[**Caracteres do texto (sem espaço):** até 2000 caracteres (excluindo título, nomes, filiações, palavras-chave e financiamento/agradecimentos). **Parágrafo:** único. **Espaço entre linhas:** espaçamento simples.]

**Palavras-chave:** Genética da Obesidade, Variantes Genômicas, Populações Brasileiras, Frequência Alélica. [Três a quatro (3-4 palavras)]

**Financiamento:** Agradecemos ao CNPq e à CAPES pelo financiamento deste estudo.

\*\* AS INFORMAÇÕES CONTIDAS NESSE ARQUIVO SÃO MERAMENTE ILUSTRATIVAS.