

Nome do aluno: Camila Bassi Fernandes da Silva

Título da dissertação: Investigação do padrão de metilação em genes ou regiões candidatas à fissura labial com ou sem palato não-sindrômica (FL/P NS)

Orientador(a): Prof<sup>ª</sup>. Dra. Maria Rita dos Santos e Passos-Bueno

## ERRATA

Na página 17, onde se lê “Um exemplo de variante comum que foi identificado por estudos de GWAS e que confere risco em pacientes com FL/P NS é a variante de base única ou SNV (do inglês *Single-Nucleotide Variation*) rs957525 C>A na posição 130015336 da região 8q24.21, que é uma **região de deserto gênico** (Birnbaum *et al.*, 2009). A associação entre esse SNV e FL/P foi replicada em várias populações, incluindo a brasileira (Brito *et al.*, 2012a).”, leia-se “Um exemplo de variante comum que foi identificado por estudos de GWAS e que confere risco em pacientes com FL/P NS é a variante de base única ou SNV (do inglês *Single-Nucleotide Variation*) rs987525 C>A na posição 130015336 da região 8q24.21, que é uma **região não-codificadora** (Birnbaum *et al.*, 2009). A associação entre esse SNV e FL/P foi replicada em várias populações, incluindo a brasileira (Brito *et al.*, 2012a).”.

Na página 27, onde se lê “Esse estudo **incluiu** dados de sequenciamento das seguintes casuísticas:”, leia-se “Esse estudo **utilizou** dados de sequenciamento das seguintes casuísticas:”.

Na página 31, onde se lê “estudo de loci de características quantitativas de expressão (eQTL) (*NOL8* - Masotti *et al.*, 2018)”, leia-se “estudo de loci de características quantitativas de expressão (eQTL) (*NOL8* - Masotti *et al.*, 2018; Faria *et al.*, 2019).”.

Na página 69, onde se lê “Tais resultados sugerem que a alteração do padrão epigenético nesses genes pode estar influenciando no quadro clínico nas FL/Ps; **porém esse estudo não contribuiu para uma melhor classificação da maioria dos novos genes candidatos, o que pode ter sido por limitações do tamanho amostral e metodologia.**”, leia-se “Tais resultados sugerem que a alteração do padrão epigenético nesses genes pode estar influenciando no quadro clínico nas FL/Ps.”.

Na página 71, onde se lê “In conclusion, such results suggest that the alteration of the epigenetic pattern in these genes may be influencing the clinical condition observed in NSCL/Ps; however, our study did not contribute in adding more evidence about the pathogenicity status of the prioritized novel candidate variants and genes, which can be due to our limited sample size and methodology.”, leia-se “In conclusion, such results suggest that the alteration of the epigenetic pattern in these genes may be influencing the clinical condition observed in NSCL/Ps.”.