



"A ciência não conhece país, porque o conhecimento pertence à humanidade, e é a tocha que ilumina o mundo." - Louis Pasteur

MATÉRIAS DESTAQUE

INPI PROPÕE REVISÃO DAS REGRAS DE PATENTES E BUSCA MUDANÇAS NA LEI DE PROPRIEDADE INDUSTRIAL

<https://futurodasaude.com.br/inpi-revisao-regras-de-patentes-busca-mudancas-na-lei-de-propriedade-industrial/>

O Instituto Nacional da Propriedade Industrial (INPI) iniciou um movimento para alterar a **Lei de Propriedade Industrial** (LPI, Lei nº 9.279/1996), que completa 30 anos em 2026. Em junho, o instituto elaborou um documento com 17 pontos passíveis de alteração, elaborado no âmbito do Grupo de Trabalho de Revisão da LPI. As propostas foram discutidas no evento **"30 anos da Lei de Propriedade Intelectual"**, realizado em 15 de setembro, em Brasília, pelo Grupo FarmaBrasil.

As mudanças sugeridas alcançam o núcleo do sistema: os **limites do que pode ser patenteado no país**, as regras para divisão de pedidos, as etapas de análise e os procedimentos de concessão e manutenção das patentes. Outra frente busca **simplificar etapas** consideradas burocráticas ou desatualizadas, incluindo as regras de pagamento de anuidades e as formalidades de representação e procuração.





O instituto também apresentou, pela primeira vez, um planejamento de dez anos, com o objetivo de manter uma linha de atuação de longo prazo independentemente das mudanças de governo.



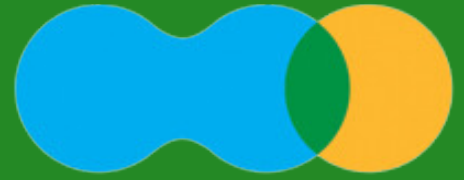
Para inovação, o movimento sinaliza um ambiente de **modernização do marco regulatório brasileiro**, com impacto direto sobre decisões de investimento em P&D. O INPI prevê consulta pública sobre o tema, e eventuais alterações na LPI ainda dependerão de discussão legislativa própria.

CIENTISTAS DESCOBREM O ANCESTRAL PERDIDO DO CRISPR ESCONDIDO DENTRO DE VÍRUS

<https://phys.org/news/2026-09-discovery-crispr-lost-ancestor-gene.html>

Dois estudos publicados simultaneamente na revista *Science*, em 17 de setembro, descreveram um sistema guiado por RNA que surgiu nos próprios vírus e parece ser o **precursor do CRISPR**. Batizado de **VIPR** (*Viral Interference Programmable Repeat*), o sistema foi identificado pela equipe de Jennifer Doudna, no *Innovative Genomics Institute* da Universidade da Califórnia em Berkeley, a partir da triagem computacional de cerca de 2,3 milhões de estruturas proteicas.





O CRISPR foi descrito anteriormente como o sistema imune das bactérias contra vírus, porém os dados agora sugerem que as bactérias que utilizam essa ferramenta viral, usada originalmente por bacteriófagos, e a converteram em defesa própria. Os sistemas VIPR foram encontrados em 664 genomas virais e celulares, sempre em *loci* mínimos, com apenas dois genes codificantes.



O mecanismo também é inédito. Em todos os sistemas guiados por RNA conhecidos até hoje, a especificidade depende de pareamento contínuo de bases entre o guia e o alvo. O VIPR, por sua vez, usa um código não contínuo, onde o vrRNA alterna e pareia apenas a cada dois nucleotídeos, pulando o terceiro.

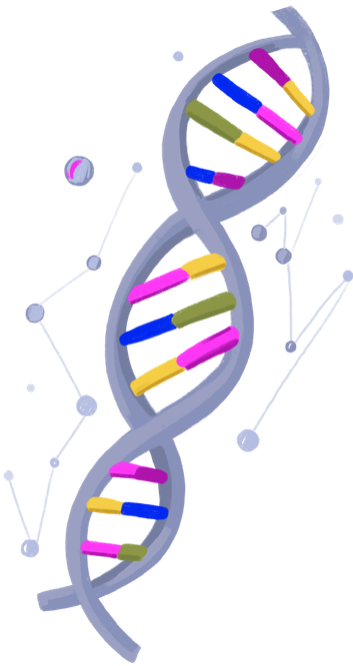
O núcleo funcional do VIPR opera com uma proteína de menos de 200 aminoácidos (cerca de um quarto do tamanho da Cas9) e um RNA-guia com menos de 100 nucleotídeos. Isso atinge diretamente o gargalo de **entrega das terapias gênicas**, em que o tamanho do editor limita o uso de vetores virais e nanopartículas lipídicas. A Universidade da Califórnia já depositou pedido de patente sobre a plataforma, descrita pelos autores como o sistema programável de reconhecimento de DNA mais simples conhecido até agora.



PRIME ASSEMBLY PERMITE REESCREVER CAPÍTULOS INTEIROS DO GENOMA SEM QUEBRAR A FITA DUPLA

<https://www.genengnews.com/topics/genome-editing/prime-assembly-expands-genome-editing-with-precise-large-scale-dna-integration/>

Um estudo publicado na Nature em setembro apresentou o **prime assembly**, método de engenharia genômica que permite integrar fragmentos longos de DNA em posições programáveis dentro de células vivas. A técnica utiliza a síntese de flaps duplos direcionada por CRISPR e foi desenvolvida por equipe liderada pelo Boston Children's Hospital, com cargas de até cerca de 12 mil pares de base.



O prime assembly não depende de quebras na fita dupla de DNA nem de reparo dirigido por homologia, dois pontos clássicos de toxicidade e estresse celular. Usando o *prime editing* para escrever uma aba de DNA de fita simples em cada fita do genoma, o sistema **controla exatamente onde a substituição começa e termina**, e o DNA doador se ancora pelas extremidades complementares antes que a maquinaria natural de reparo conclua a integração.

Diferentemente da maioria das ferramentas de edição, o método se mostrou **igualmente ativo em células que se dividem e em células que não se dividem**, o que abre caminho para aplicação em neurônios e cardiomiócitos. Os pesquisadores demonstraram **recodificação de éxons, integração de transgenes e rearranjos em escala de megabases**, incluindo inserção no locus TRAC em linfócitos T primários de quatro doadores saudáveis, o sítio usado na engenharia de células CAR-T.



Para a indústria de terapias avançadas, o impacto é estratégico: em vez de corrigir uma mutação por vez, torna-se viável **substituir o gene inteiro**, atendendo com um único produto pacientes portadores de centenas de mutações distintas no mesmo gene. Como métodos de inserção não direcionada podem ativar genes errados e gerar risco oncogênico, a precisão do endereçamento também é um **argumento regulatório**. O trabalho segue em **fase pré-clínica**, com foco atual na entrega dos componentes a células-tronco hematopoiéticas *in vivo*.

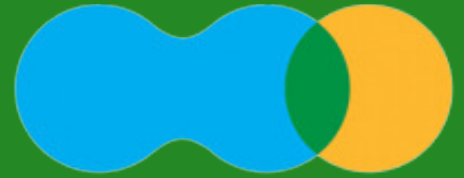
Veja o artigo científico na seção "Artigos em alta"

BRASIL AVANÇA NA EDIÇÃO GÊNICA DE MICRORGANISMOS PARA PRODUÇÃO DE BIOINSUMOS



<https://maissoja.com.br/brasil-avanca-na-edicao-genica-de-microrganismos-para-producao-de-bioinsumos/>

Pesquisadores brasileiros estão usando **edição gênica para tornar mais eficientes as bactérias que fornecem nitrogênio às lavouras**. Os resultados foram apresentados em 2 de setembro, durante o evento virtual "P&D em debate", promovido pelo Comitê Gestor do Portfólio Biorrevolução, da Embrapa, que reuniu mais de 430 participantes. O dado que mais chama atenção veio do pesquisador Alexandre Nepomuceno, da Embrapa Soja e membro da **CTNBio**: hoje **mais de 50% das submissões de edição gênica encaminhadas à comissão envolvem microrganismos**.

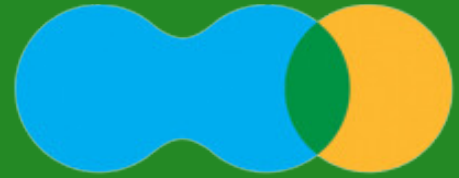


Uma das frentes aplica edição gênica em **bactérias diazotróficas** associadas a gramíneas. Segundo o pesquisador Jean Araújo, da Embrapa Agrobiologia (RJ), os trabalhos buscam modificar a forma como essas bactérias fixam e assimilam nitrogênio, de modo que **uma parcela maior do nutriente fique disponível à planta**. Na Embrapa, a tecnologia também já é empregada em plantas, animais e peixes, incluindo linhagens de soja mais tolerantes ao déficit hídrico.



O peso econômico da agenda é direto: **o Brasil importa cerca de 85% dos fertilizantes que consome**, e a substituição de parte da adubação nitrogenada por bioinsumos mais eficientes toca a competitividade de toda a cadeia. Além disso, a **área tratada com bioinsumos** no país chegou a **46 milhões de hectares no primeiro semestre de 2026**, alta de 18,3% sobre o mesmo período de 2025.

Um fator decisivo para esse avanço é **regulatório**. Desde 2018, a **Resolução Normativa nº 16 da CTNBio** estabelece critérios para avaliação de produtos obtidos por Técnicas Inovadoras de Melhoramento de Precisão (TIMP), entre elas a edição gênica. Produtos enquadrados como convencionais pela comissão têm **custos regulatórios significativamente menores** que os de um OGM clássico, vantagem para startups e empresas de médio porte do setor de bioinsumos, ainda que os desafios de escalonamento e chegada ao mercado permaneçam.



O QUE MAIS É DESTAQUE PELO MUNDO?



Google DeepMind lança o SynthID Bio, marca d'água para proteínas desenhadas por IA

(<https://blog.google/innovation-and-ai/models-and-research/google-deepmind/synthid-bio/>)



Leveduras editadas transformam plástico PET e resíduo agrícola em biscoitos proteicos impressos em 3D

(<https://www.sciencedaily.com/releases/2026/09/260912220033.htm>)



Dose única de terapia CRISPR reduz o colesterol LDL pela metade por um ano inteiro

(<https://www.sciencedaily.com/releases/2026/09/260925005434.htm>)



Microrganismo de mar usa enzima termorresistente para fixar nitrogênio

(<https://www.sciencedaily.com/releases/2026/09/260918024810.htm>)



Bioinsumos geram negócios milionários em MG e podem adicionar R\$ 15,8 bilhões ao PIB brasileiro

(<https://www.otempo.com.br/agro/2026/9/20/bioinsumos-geram-negocios-milionarios-em-mg-e-podem-adicionar-r-15-8-bilhoes-ao-pib-brasileiro>)



Área tratada com bioinsumos cresce 18,3% e atinge 46 milhões de hectares no 1º semestre

(<https://agrimidia.com.br/avicultura-industrial/2026/09/25/area-tratada-com-bioinsumos-cresce-183-e-atinge-46-milhoes-de-hectares-no-1o-semester/>)



Engenharia genética abre caminho para uma nova geração de bioinsumos

(<https://agribasilis.com/2026/09/21/engenharia-genetica-abre-caminho-para-uma-nova-geracao-de-bioinsumos/>)



O QUE MAIS É DESTAQUE PELO MUNDO?



CTNBio abre prazo de 30 dias para manifestações sobre pesquisa de edição gênica no sistema nervoso central

(<https://atlaspublico.com.br/noticias/ctnbio-abre-prazo-de-30-dias-para-manifestacoes-sobre-805219>).



Nova plataforma multiômica da Embrapa Agroenergia mapeia milhares de moléculas para impulsionar bioinsumos

(<https://www.bomjornal.com.br/nova-plataforma-tecnologica-integra-ciencias-multiomicas-para-impulsionar-bioinsumos-no-brasil/>).



Edição de base altamente eficiente no gene PCSK9 e desenvolvimento embrionário humano normal

(<https://www.nature.com/subjects/cas9-endonuclease>).



Novo método permite acompanhar a atividade gênica ao longo do tempo nas mesmas células, sem matá-las

(<https://news.mit.edu/topic/crispr>).



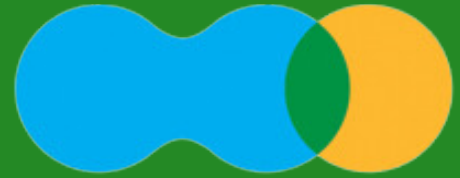
DIVULGAÇÕES

BIOINOVA 2ª EDIÇÃO: BIOTECNOLOGIA E QUÍMICA MEDICINAL A SERVIÇO DA SAÚDE

19 e 20 de outubro de 2026 — FURG, Rio Grande (RS)

Chega à segunda edição o **BioInova**, promovido pelo **NUDEFA** sob liderança da Prof^a. Dr^a. Daniela Fernandes Ramos, com a Faculdade de Medicina, a Pró-Reitoria de Pesquisa da FURG e o Parque Tecnológico Oceantec. Serão dois dias reunindo **16 palestras, apresentação de pôsteres, resumos expandidos e uma mesa redonda** com empresas da região. **Não fique de fora de um dos eventos gaúchos mais aguardados em biotecnologia, aplicado à saúde humana e animal!**





DIVULGAÇÕES

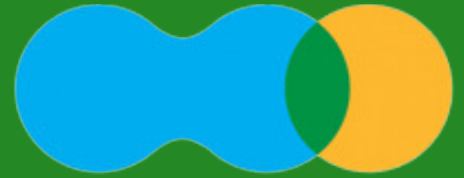
FAPESC/CNPQ/CAPES ABREM R\$ 39,4 MILHÕES PARA FIXAÇÃO DE DOUTORES EM SC — BIOTECNOLOGIA ESTÁ ENTRE AS LINHAS PRIORITÁRIAS

Chamada Pública nº 055/2026 — PROFIX-CB | Submissões até 06/11/2026 - <https://fapesc.sc.gov.br/edital-de-chamada-publica-fapesc-cnpq-capes-n-o-55-2026-programa-de-apoio-a-fixacao-de-doutores-no-brasil-profix-cb/>



**EDITAL DE CHAMADA PÚBLICA FAPESC/CNPq/CAPES N.º 055/2026
PROGRAMA DE APOIO À FIXAÇÃO DE DOUTORES NO BRASIL – PROFIX-CB**

A **FAPESC**, em colaboração com **CNPq e CAPES**, lançou o edital do **Programa de Apoio à Fixação de Doutores no Brasil (PROFIX-CB)**, com valor global de até **R\$ 39.380.160,00**. Serão selecionados **até 38 projetos de pesquisa**, e a Biotecnologia figura explicitamente entre as linhas temáticas prioritárias, incluindo edição gênica avançada, biologia sintética, bioprocessos, bioengenharia, biofertilizantes, biodefensivos, biopolímeros, fermentação de precisão e proteínas alternativas.



ARTIGO EM ALTA

TARGETED GENOMIC INTEGRATION AND REARRANGEMENT USING PRIME ASSEMBLY

Leia o artigo na íntegra: <https://doi.org/10.1038/s41586-026-11024-2>
Publicado em setembro de 2026.

O artigo publicado por Levesque e colaboradores (2026), na revista *Nature*, apresentou o **prime assembly**, uma abordagem que permite montar e integrar sequências de DNA em locais específicos de células humanas por meio da **síntese de flaps duplos direcionada por CRISPR**. A instalação de modificações genômicas de médio a grande porte em células de relevância terapêutica permanecia um dos obstáculos centrais da edição gênica, e é esse gargalo que o método responde.

A estratégia usa guias de RNA engenheirados para gerar abas de **DNA de fita simples complementares** no sítio-alvo do genoma. O DNA doador anela por essas extremidades, e a própria maquinaria de reparo da célula completa a integração. Como o processo **dispensa quebras na fita dupla e o reparo dirigido por homologia**, mantém-se ativo tanto em células em divisão quanto em células que não se dividem, condição que limita a maioria das técnicas atuais.





Os autores demonstraram três aplicações: **recodificação direcionada de éxons, integração de transgenes e rearranjos em escala de megabases**, incluindo deleções, inversões e alterações intercromossômicas. Em **linfócitos T CD3+ primários** obtidos de quatro doadores saudáveis, o sistema promoveu integração direcionada no locus TRAC, sítio de referência para a construção de células CAR-T. Cargas de até cerca de 12 quilobases foram inseridas em posições definidas.



Para o desenvolvimento de terapias avançadas, o estudo sinaliza a possibilidade de **substituir genes inteiros em vez de corrigir mutações pontuais** e abre espaço para terapias universais, aplicáveis a populações de pacientes com perfis mutacionais heterogêneos. A capacidade de gerar rearranjos estruturais programáveis também amplia o uso em **modelagem de doenças genômicas** e em engenharia de linhagens celulares.

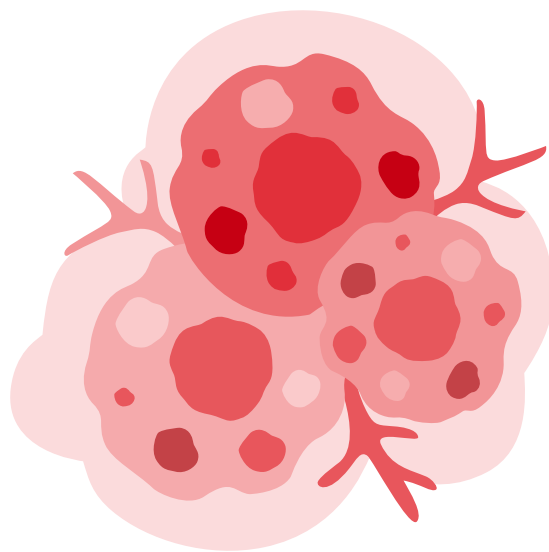
CRISPR-CAS9 CD33-DELETED ALLOGENEIC HEMATOPOIETIC CELL TRANSPLANTATION WITH GEMTUZUMAB OZOGAMICIN MAINTENANCE IN AML: A PHASE 1/2 TRIAL

Leia o artigo na íntegra: <https://doi.org/10.1038/s41591-026-04362-1>
Publicado em setembro de 2026.



O estudo de DiPersio e colaboradores (2026), publicado na revista *Nature Medicine*, relatou os resultados de um **ensaio clínico de fase 1/2** em que células-tronco de doadores foram editadas por **CRISPR-Cas9 para remover a proteína CD33** antes do transplante. A pesquisa foi conduzida pela Washington University School of Medicine, em St. Louis, em conjunto com outros 14 centros nos Estados Unidos e no Canadá, e incluiu 30 adultos com leucemia mieloide aguda (LMA) ou síndrome mielodisplásica (SMD) de alto risco de recaída.

As proteínas presentes nas células de LMA e SMD também aparecem nas células mieloides saudáveis. Portanto, terapias direcionadas a esses alvos destroem tumor e medula ao mesmo tempo. Ao eliminar o CD33 apenas das células do doador, produto denominado **trem-cel** (tremtelectogene empogeditemcel), cria-se um sistema sanguíneo indetectável ao tratamento, de modo que qualquer célula remanescente com CD33 seja, em tese, célula tumoral.



Todos os 30 pacientes obtiveram enxertia até o dia 28, com recuperação plaquetária em média no dia 16. Dezenove pacientes receberam ao menos um ciclo de **gemtuzumabe ozogamicina**, anticorpo conjugado anti-CD33, em protocolo de escalonamento de dose, e **mantiveram as contagens sanguíneas estáveis** entre as diferentes doses, sugerindo que o **enxerto editado os protegeu da mielossupressão grave típica** dessa manutenção. A sobrevida média foi de pouco mais de 14 meses; sete pacientes morreram no estudo, quatro por progressão da doença e três por complicações relacionadas ao transplante.



PESQUISAS EM DESTAQUE

PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM BIOTECNOLOGIA – PPGBIO-UCS

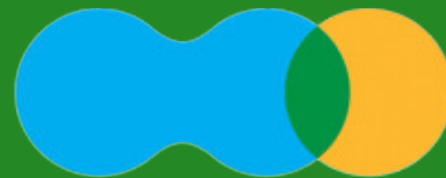
SÍNTESE E CARACTERIZAÇÃO DE NANOESTRUTURAS UTILIZANDO EXTRATOS VEGETAIS E SUA ATIVIDADE ANTITUMORAL

Autora: Dra. Marina Della Giustina

Orientadora: Prof^a Dra. Mariana Roesch Ely

Coorientadora: Prof^a Dra. Janaina da Silva Crespo

O desenvolvimento de nanoestruturas biofuncionalizadas representa uma estratégia promissora para superar limitações relacionadas à estabilidade, biodisponibilidade e seletividade terapêutica de compostos bioativos aplicados ao tratamento do câncer. Neste trabalho, foram investigadas abordagens complementares envolvendo a síntese verde de nanopartículas de ouro (AuNPs) e o desenvolvimento de nanogéis poliméricos para disponibilidade de compostos bioativos e aplicações antitumorais. Inicialmente, as AuNPs foram sintetizadas utilizando extratos de própolis vermelha e da macroalga antártica *Palmaria decipiens* como agentes redutores e estabilizantes. A caracterização fitoquímica evidenciou a presença de compostos fenólicos, carotenoides e polissacarídeos sulfatados, associados à atividade antioxidante dos extratos. As nanoestruturas obtidas apresentaram morfologia predominantemente esférica, com dimensões entre 5 e 20 nm, estabilidade coloidal e funcionalização superficial mediada pelos metabólitos presentes nos extratos. Ensaios biológicos demonstraram atividade citotóxica seletiva frente a células de câncer colorretal, associada à baixa toxicidade em células não tumorais, sugerindo potencial aplicação terapêutica. Paralelamente, foram desenvolvidos nanogéis à base de ácido hialurônico metacrilato contendo própolis vermelha, visando encapsulamento e liberação controlada de compostos bioativos. Os biomateriais apresentaram diâmetro hidrodinâmico aproximado de 100 nm, potencial zeta de -23 mV, com estabilidade coloidal e preservação do perfil fitoquímico após encapsulação. Os ensaios de liberação demonstraram comportamento sustentado ao longo de 96 h, enquanto as avaliações biológicas indicaram seletividade frente às células tumorais e preservação da viabilidade celular em modelos não tumorais. Em conjunto, os resultados apontam que a integração entre síntese verde de AuNPs e sistemas poliméricos nanoestruturados constitui uma abordagem nanobiotecnológica promissora para o desenvolvimento de plataformas sustentáveis e funcionalmente otimizadas para aplicações em terapia antitumoral.



PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM BIOTECNOLOGIA – PPGBIOTEC-UFPEL

RNAS NÃO CODIFICANTES NA RESPOSTA DE PLANTAS A ESTRESSES BIÓTICOS E ABIÓTICOS: INTEGRAÇÃO DE GENÔMICA COMPUTACIONAL E APRENDIZADO DE MÁQUINA

Autor: Dr. Christian Domingues Sanchez

Orientadora: Prof^a Dra. Vanessa Galli

Coorientadora: Prof. Dr. Frederico Schmitt Kremer

Esta tese investiga o papel regulatório dos RNAs não codificantes (ncRNAs), com foco em microRNAs (miRNAs), RNAs circulares (circRNAs) e RNAs longos não codificantes (lncRNAs), nas respostas de plantas a estresses bióticos e abióticos, empregando abordagens genômicas computacionais e aprendizado de máquina. O primeiro manuscrito caracteriza o silenciamento gênico inter-reinos (CK-RNAi) bidirecional no patossistema *Botrytis cinerea* e *Fragaria × ananassa* (morango), identificando 260 miRNAs fúngicos preditos de novo, com quatro efetores funcionais comprovadamente carregados em BcAGO durante a infecção. O estudo priorizou computacionalmente 21 alvos promissores para o desenvolvimento de estratégias de silenciamento gênico induzido pelo hospedeiro (HIGS). No segundo manuscrito, o transcriptoma de frutos de morango sob estresse osmótico (déficit hídrico e salinidade) foi prospectado, resultando no primeiro catálogo de circRNAs para a espécie. Foram identificados circRNAs constitutivos e exclusivos de estresse, evidenciando seu potencial atuação como RNAs endógenos competidores ("esponjas") para miRNAs de resposta a estresses, como o miR398. Por fim, o terceiro manuscrito descreve o desenvolvimento do BATATA, uma ferramenta web de código aberto baseada em aprendizado de máquina para prever a responsividade de lncRNAs da batata (*Solanum tuberosum*) a 12 patógenos distintos. Utilizando frequências de k-mers extraídas da sequência primária, a plataforma demonstrou capacidade discriminatória consistente, facilitando a priorização de candidatos para a genômica funcional. Em conjunto, os resultados aprofundam a compreensão das complexas redes de regulação pós-transcricional vegetal, fornecendo alvos biotecnológicos e ferramentas preditivas aplicáveis a culturas de alto impacto agrônomico.



PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM BIOTECNOLOGIA – PPGBIOTEC-UFPEL

PROSPECÇÃO IN SILICO DE NOVAS MOLÉCULAS MULTIALVOS CANDIDATAS AO TRATAMENTO DA DEPRESSÃO

Autora: Dra. Fabiane Neitzke Höfs

Orientador: Prof. Dr. Frederico Schmitt Kremer

O transtorno depressivo maior (TDM) apresenta natureza complexa e multifatorial, envolvendo diferentes sistemas biológicos e alvos moleculares, o que representa um desafio para o desenvolvimento de novas estratégias terapêuticas. Esta tese teve como objetivo investigar alvos moleculares e abordagens computacionais aplicáveis à descoberta de antidepressivos e identificar e priorizar, *in silico*, análogos com potencial multialvo predito. O estudo foi desenvolvido em dois artigos complementares. O primeiro reuniu evidências sobre mecanismos biológicos e alvos moleculares associados ao TDM e abordou a contribuição de recursos computacionais para a descoberta de antidepressivos. O segundo empregou um *pipeline* computacional sequencial e integrado, composto por similaridade molecular, predições ADMET, alertas estruturais, modelos QSAR, domínio de aplicabilidade e *docking* molecular proteína-ligante. A partir de 13.188.665 moléculas do banco ZINC, foram identificados 14.561 análogos de antidepressivos de referência, dos quais 528 permaneceram após as etapas de priorização anteriores ao *docking*. A análise estrutural resultou em uma biblioteca final de 298 compostos, distribuídos em 131 *scaffolds*, com elevada diversidade estrutural e perfis farmacológicos preditos envolvendo diferentes alvos relacionados ao TDM. A integração das abordagens permitiu priorizar um conjunto quimicamente diverso de compostos para investigações posteriores. Os resultados constituem hipóteses computacionais e não representam evidência experimental de atividade farmacológica, eficácia terapêutica ou segurança, sendo necessária validação *in vitro* e *in vivo*.

SULBIOTEC NEWS



PITCH - EMPRESAS PARCEIRAS



<https://www.syntalgae.com.br/>

A **Syntalgae** disponibiliza a biodiversidade de **microalgas**, ricas em compostos antioxidantes, sais minerais, vitaminas, beta-glucana e ácidos graxos mono e poliinsaturados, para desenvolver produtos inovadores que **melhorem a saúde e preservem o meio ambiente**.

<https://terramaresambiental.com.br/>



TerraMares

A **TerraMares** possui a missão de minimizar pressões nocivas ao ambiente e sua biota, respeitando as tendências de mercado para **produtos de qualidade** e com tecnologias 100% nacionais, e desvendando as possibilidades das **microalgas** para aplicações mercadológicas diversificadas.

<https://www.agregabiotec.com/>



A **Agrega** desenvolve e disponibiliza novas técnicas de **identificação de microrganismos** baseadas na análise do DNA. Os resultados dos testes são analisados por ferramentas da bioinformática, tornando-os mais precisos.

SULBIOTEC NEWS



<https://dillonbio.com.br/>



A **Dillon Biotecnologia** é uma empresa nacional com experiência na **produção e desenvolvimento de insumos microbiológicos**, com foco em **Biodefensivos e Nutrição de Plantas**. Fundada em 1999, como ECCB Insumos Biológicos, na Incubadora da Universidade de Caxias do Sul, somos uma das pioneiras no mercado de controle biológico no Brasil.



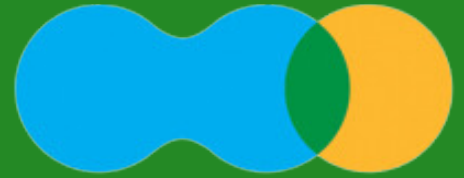
<https://biocelltis.com/>

A **Biocelltis** produz **biomateriais e desenvolve tecidos humanos em laboratório** para aplicações nos setores médico, biomédico, farmacêutico, dermocosmético e veterinário. Os modelos de tecidos humanos são construídos sobre um hidrogel composto por uma rede porosa de nanofibras naturais e biocompatíveis.

<https://www.nucleovitro.com/>



A **Núcleo Vitro** desenvolveu diferentes **modelos de estudos in vitro** com **células isoladas e em modelo de pele** equivalente para impulsionar a inovação de novos produtos para saúde. Busca impulsionar a **inovação científica** conectando ciência aplicada às necessidades reais das empresas e pessoas.



NEGÓCIOS

PRECIFICAÇÃO: POR QUE PARTIR DO CUSTO ESTÁ DESTRUINDO A SUA MARGEM

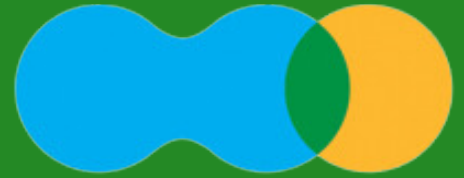
A maioria das empresas de base tecnológica monta o preço de baixo para cima: soma insumo, hora técnica, rateio de estrutura e aplica uma margem. O resultado parece seguro, mas não prevê que **o custo da sua operação não tem relação nenhuma com o valor que o cliente recebe**. Dois projetos com o mesmo custo interno podem gerar economias completamente diferentes para quem contrata. Quando o preço nasce da planilha interna, você transforma a sua empresa em fornecedora de horas, e fornecedor de horas só tem um argumento de venda: ser mais barato que o concorrente.



"Preço é o que você paga; valor é o que você leva" – Warren Buffett

ANCORE O PREÇO NO PROBLEMA, NÃO NA ENTREGA

Antes de falar em valores, estabeleça com o cliente **o tamanho do problema em números**. Quanto custa hoje o gargalo que você resolve? Quantos dias de atraso, quantos lotes perdidos, quantas horas de retrabalho, quanto de insumo desperdiçado? Perguntas simples já fazem esse trabalho: "Se nada mudar nos próximos doze meses, quanto esse problema custa para a sua operação?". A resposta vira a âncora da conversa.



Um preço de R\$ 60 mil parece caro quando vazio, mas diante de uma perda anual de R\$ 400 mil, ele vira decisão óbvia. Sem âncora, o cliente compara o seu número com a única referência que tem: o orçamento do concorrente.

COBRE PELO RESULTADO, NÃO PELO ESFORÇO

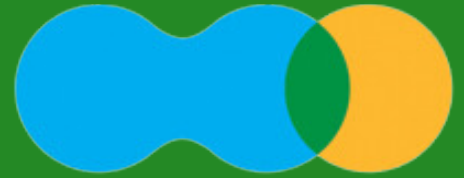
Reveja como a sua proposta está escrita. Se ela descreve **o que você vai fazer** (visitas, análises, relatórios, horas de bancada), você está vendendo esforço, e todo esforço é negociável para baixo. Se ela descreve **o que muda na operação do cliente** (redução de perdas, ganho de produtividade, prazo encurtado, risco regulatório mitigado), você está **vendendo resultado**.

Um sinal prático de alerta: se um cliente pede desconto porque "foram poucas horas", o problema não está no desconto e sim no fato de a proposta ter ensinado a ele que o produto eram as horas.



OFEREÇA TRÊS CAMINHOS, NÃO UM NÚMERO ÚNICO

Quando existe apenas uma opção na mesa, a única decisão possível é **sim ou não**. Apresente três níveis: essencial, intermediário e completo. Desse modo, a pergunta do cliente muda de "eu contrato?" para "qual eu contrato?". O nível mais alto deve existir mesmo que quase ninguém compre: ele dá régua ao do meio, que é o que você realmente quer vender. E, fundamental, **cada faixa precisa ter escopo diferente, não só preço diferente**. Caso contrário, você está apenas oferecendo desconto com outro nome.



TRATE REAJUSTE COMO ROTINA, NÃO COMO CONFRONTO

Muito empresário adia o reajuste por medo de perder o cliente, e acaba sustentando contratos antigos com custos novos. Para lidar com isso, defina em contrato uma **data anual de revisão** e um índice de referência. Assim o reajuste deixa de ser uma negociação constrangedora e passa a ser um procedimento previsto. E registre durante o ano, por escrito, os ganhos que você entregou, pois na hora da revisão esse histórico é o seu melhor argumento.



Preço baixo não é estratégia comercial, é ausência de argumento. Quando o cliente enxerga com clareza o tamanho do problema que você resolve, a conversa deixa de ser sobre quanto custa e passa a ser sobre quanto ele perde se não contratar.



COMPARTILHE NOSSA NEWSLETTER COM QUEM VOCÊ CONHECE!

Esperamos que esta **edição** tenha trazido **insights** valiosos para sua jornada no mundo da **biotecnologia**. Nosso objetivo é **espalhar conhecimento científico** e fomentar o crescimento da **comunidade empreendedora**. Se você gostou, considere **compartilhar** este conteúdo com seus colegas e amigos!



[@sulbiotec](https://www.instagram.com/sulbiotec)



<https://sulbiotec.com.br>



SulBiotec

Rede de Biotecnologia da Região Sul