

## AVALIAÇÃO *IN SILICO* DO PERFIL DE EXPRESSÃO GÊNICA ASSOCIADO ÀS DIFERENTES LESÕES CAUSADAS PELA INFECÇÃO DO PAPILOMAVÍRUS HUMANO PARA A IDENTIFICAÇÃO DE POTENCIAIS BIOMARCADORES

Eixo: (Biologia Molecular de Parasitos e Vetores)

Autor (Edilaine Dória Araújo) principal <sup>1</sup>

Coautor (Gerlane Salgueiro Barros) <sup>2</sup>

Orientador (Marcus Vinícius de Aragão Batista) <sup>3</sup>

O câncer cervical é o segundo tipo mais comum nos países em desenvolvimento e o quarto mais comum em países desenvolvidos. As infecções causadas por papilomavírus humano, são as principais responsáveis pelo desenvolvimento de câncer cervical no Brasil e no mundo. Dessa forma, estabelecer um perfil transcriptômico utilizando sequenciamento de RNA contribui na compreensão das alterações morfológicas até o surgimento do câncer cervical. O objetivo do estudo foi investigar o perfil de expressão gênica nas diferentes lesões e câncer cervical causados por HPV para a identificação de potenciais biomarcadores. Foram utilizadas sequências de RNA por *Next-Generation Sequencing* (NGS) oriundas da plataforma *illumina*, de amostras cervicais negativas, com lesão e câncer cervical por HPV, disponíveis no *Genome Expression Omnibus* (GEO). As bibliotecas de RNAs dos projetos GSE147009 e GSE149763 foram selecionados. A plataforma Galaxy foi utilizada para extrair os arquivos FASTA *illumina* em arquivos FASTQ. A qualidade de sequências foi observada utilizando o FASTQC; as *reads* possuíam boa qualidade, tendo um valor de Phred médio de acima de 30. Foram utilizadas as ferramentas Trimmomatic para remoção dos adaptadores e Tophat para alinhamento das *reads* com o genoma de referência humano. O total de genes expressos foi observado utilizando a ferramenta cufflinks. Para análise de expressão diferencial foi utilizada a ferramenta cuffdiff. O tamanho das bibliotecas demonstrou em média *reads* *paired-ends* entre 155.244.590 e 34.511.420. O alinhamento mostrou que 80,56% das sequências foram mapeadas com o genoma humano (GRC38.p14 *homo sapiens*). A análise de expressão gênica identificou um total de 61.219 genes expressos (GSE147009) e 57.794 genes expressos (GSE149763). Um total de 1577 *Differentially Expressed Genes* (DEGs) foram observados. Os estudos envolvendo o papel da expressão gênica se tornam relevantes para análise da progressão das lesões, auxiliando na avaliação do prognóstico da doença.

**Palavras-chave:** lesões cervicais; expressão gênica; NGS.

ORGANIZAÇÃO

APOIO



1. Graduação, Universidade Federal de Sergipe, [Edilaine.doria@gmail.com](mailto:Edilaine.doria@gmail.com).

2. Mestrado, Universidade Federal de Sergipe, [gerlane15@live.com](mailto:gerlane15@live.com)

3. Doutorado, Universidade Federal de Sergipe, [mvabatista@hotmail.com](mailto:mvabatista@hotmail.com)