

2273

**EXPOSIÇÃO AO ÁLCOOL DURANTE A GESTAÇÃO E OS EFEITOS NA EXPRESSÃO GÊNICA NEURAL DO FETO: ANÁLISE A PARTIR DE TRANSCRIPTOMAS DISPONÍVEIS EM REPOSITÓRIOS PÚBLICOS.**

CATEGORIA DO TRABALHO: PESQUISA

Vinicius Oliveira Lord, Giovanna Câmara Giudicelli, Fernanda Sales Luiz Vianna, Thayne Woycinck Kowalski

HOSPITAL DE CLÍNICAS DE PORTO ALEGRE

CENTRO UNIVERSITÁRIO CESUCA

A exposição a diferentes tipos de substâncias durante a gravidez pode perturbar o desenvolvimento do embrião e do feto. O álcool, por ser teratogênico, pode levar a Síndrome Alcoólica Fetal, além de possuir diversos efeitos neurotóxicos no sistema nervoso central em desenvolvimento, prejudicando funções da glia e neurônios. Sabendo desses efeitos do álcool no feto, o objetivo desse trabalho foi verificar alterações na expressão gênica resultantes de exposição pré-natal ao álcool em células e tecidos neurais, a partir de análises secundárias de transcriptomas publicamente disponíveis, a fim de identificar os mecanismos moleculares por trás das alterações já conhecidas. Foram selecionados transcriptomas no Gene Expression Omnibus (GEO), sendo seis executados por técnicas de microarranjo e um RNA-seq. Até o momento, foi avaliada a expressão diferencial do ensaio de RNA-seq, GSE86006, que contém amostras de córtex cerebral expostas a 50mM de álcool (n=2) e amostras controle (n=2). A análise dos dados brutos foi realizada através da plataforma Galaxy, inserindo as amostras via fastq-dump, seguido de alinhamento pelo Bowtie2, verificando-se a qualidade do alinhamento (>70%) e realizando a contagem com o featureCounts. Em sequência, foi analisada a expressão gênica diferencial com o R (v. 3.6.2), utilizando o pacote edgeR. Foram filtrados e considerados significativos apenas genes com logFC >2 ou <-2 e um Valor-P ajustado < 0,05. Restaram 159 genes significativos para o estudo, sendo 47 com aumento e 112 com diminuição na sua expressão. Em sequência, com a ferramenta g:GOST no g:Profiler, foi realizada a análise de super-representação de ontologias gênicas. É possível verificar que, na exposição por álcool, existem alterações na resposta inflamatória, processos do sistema imunológico incluindo a sua regulação, resposta e sinalização mediada por citocinas, como a interleucina-1. Essas desregulações poderiam auxiliar a explicar algumas alterações induzidas pelo consumo de álcool na gestação, uma vez que já foi demonstrado que a neuroinflamação é prejudicial ao neurodesenvolvimento. Para uma melhor investigação, os próximos passos deste estudo envolvem realizar o processamento dos outros estudos já selecionados, que são microarranjos, e também realizar uma metanálise de transcriptomas, possibilitando uma análise integrada das expressões diferenciais desses diferentes ensaios.

2376

**UMA VIA PARA O SARCOMA DE EWING**

CATEGORIA DO TRABALHO: PESQUISA

Matheus Gibeke Siqueira Dalmolin, Romildo Oliveira Souza Júnior, Laís Barth Arend, Mariane da Cunha Jaeger, Caroline Brunetto de Farias, André Tesainer Brunetto, Marialva Sinigaglia

INSTITUTO DO CÂNCER INFANTIL

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO NORTE

O Sarcoma de Ewing (SE) é um tumor altamente agressivo, afeta ossos e tecidos moles, sendo a segunda neoplasia pediátrica óssea mais frequente. Caracteriza-se pela presença de uma fusão gênica originada a partir de uma translocação envolvendo o gene EWS e outro gene da família ETS, geralmente FLI1. Apesar do tratamento para doença localizada apresentar uma eficácia comprovada, a sobrevivência a longo prazo de pacientes com SE metastático ou que apresentam recidiva é ainda muito baixa. Via é o conjunto de interações biológicas hierarquizadas em um sistema biológico, compostas por nós, que representam as entidades biológicas, e arestas, que representam as suas interações. Representações gráficas de vias são de grande utilidade porque apresentam a informação biológica em um formato conciso, intuitivo e didático. O objetivo deste trabalho foi criar uma via geral do SE com intuito de reunir o conhecimento sobre a biologia do SE de forma organizada e integrada. Para isso, foi realizada a mineração dos genes envolvidos no SE em artigos científicos, através dos softwares PESCADOR web tool e Medline Ranker. Após foi elaborado um diagrama da via utilizando o software PathVisio com as interações entre os genes e a descrição dos fenômenos, todo esse