



## **Investigando a contribuição da exposição química na etiologia do transtorno do espectro autista (TEA) por meio de ferramentas de bioinformática**

*Kelly Louise Thiel*  
*Universidade La Salle*

*Fernada Rabaioli da Silva (Orientada)*

### **Tipo do trabalho**

Comunicação oral e Pôster

### **Tema**

Ciências Biológicas

### **Palavras-chave**

*Transtorno do Espectro Autista, Biologia de Sistemas, Biologia Molecular, Bioinformática, Exposição Química Ambiental.*

### **OBJETIVO**

A exposição ambiental a compostos químicos, de curto a longo prazo, pode causar alterações cromossômicas, infecções congênitas, desordens metabólicas e tantos outros problemas de saúde pública na população humana. O transtorno do espectro autista (TEA) apresenta etiologias múltiplas, caracterizando-se por graus variados de gravidade (continuum), tendo uma significativa contribuição de fatores genéticos. Entretanto, a expressão gênica pode ser modulada por fatores ambientais desde a embriogênese. Além disso, a exposição a xenobióticos está associada tanto com danos neurológicos do feto durante o período gestacional quanto a doenças neurodegenerativas na vida adulta. Devido à complexidade desta exposição e desta condição, nesse estudo foram empregadas as ferramentas da Biologia de Sistemas, a qual permite analisar dados *in silico* de sistemas biológicos em diferentes espécies, proporcionando o entendimento de como ocorrem as interações e como elas influenciam a função e o comportamento do organismo. Diante disso, o presente estudo pretende prospectar as vias moleculares envolvidas na etiologia do TEA em relação à exposição química ambiental, incluindo compostos como agrotóxicos, fármacos e poluentes atmosféricos.

### **MATERIAL**

Nesse estudo, foi realizada uma revisão na literatura sobre os contaminantes ambientais envolvidos no aumento da suscetibilidade ao TEA, bem como os genes diferencialmente expressos nesse Transtorno. Para obtenção de dados e formação das redes, diferentes ferramentas de mineração foram utilizadas como o STRING 11.0 e o STITCH 5.0, que fazem a ligação entre proteína-proteína e compostos químicos-proteínas, respectivamente.

### **METODOLOGIA**

O desenho das redes binárias foi realizado pelo programa Cytoscape versão 3.6.0. A análise de agrupamento de ontologia gênica foi realizada nas redes de interação pelo programa Molecular Complex Detection (MCODE), o Biological Network Gene Ontology (BiNGO) foi utilizado para a avaliação dos grupos de proteínas e o CentiScaPe para as análises de



centralidade.

### **RESULTADOS**

Como resultado parcial foi gerado uma rede contendo 2160 nós e 27270 conectores, sendo que 35 destes nós são compostos químicos descritos como envolvidos na gênese do TEA. Pela análise de modularidade, 20 clusters apresentaram score  $> 4$ .

### **CONCLUSÃO**

Interessantemente, o agrupamento (cluster) proteico com maior score (cluster 1) está envolvido na neurogênese e na diferenciação neuronal. Espera-se, a partir dos resultados, propor vias moleculares envolvidas nestes bioprocessos em resposta à exposição ambiental.