

## **Identificação in silico das vias moleculares ligadas à predisposição ao desenvolvimento do Transtorno do Espectro Autista e à exposição de contaminantes ambientais**

***Kelly Louise Thiel***

*Universidade La Salle*

***Fernanda Rabaioli da Silva (Orientador)***

O Transtorno do Espectro Autista é um distúrbio de neurodesenvolvimento que apresenta graus variados de gravidade. Embora esteja associado a fatores genéticos, estima-se que mais de 90% dos casos tenha origem multifatorial. Diante disso, o presente estudo teve como objetivo propor um modelo in silico das vias moleculares relacionadas à gênese do TEA em indivíduos expostos à contaminantes ambientais. Realizou-se uma revisão na literatura, combinando-se as proteínas codificadas pelos genes diferencialmente expressos no TEA juntamente os contaminantes ambientais envolvidos no aumento da suscetibilidade desse transtorno. Para mineração dos dados, ferramentas de bioinformática foram utilizadas: STRING e STITCH, que serviram como base para o desenho das redes binárias no Cytoscape. Para análise desse modelo, os programas Molecular Complex Detection, Biological Network Gene Ontology e CentiScaPe foram necessários. Como resultado foi gerado uma rede 2160 nós e 27270 conectores, sendo que a maioria compostos químicos descritos como envolvidos na gênese do TEA. Nosso modelo das vias moleculares propõe que esses compostos sejam capazes de ultrapassar a barreira placentária e hematoencefálica, desencadeando estresse oxidativo celular, podendo ocasionar danos ao neurodesenvolvimento. Além disso, é possível que exista um comprometimento da degradação proteica no sistema UBS, em decorrência da exposição química ambiental aos compostos elencados em nossa rede. Portanto, compostos químicos podem estar contribuindo na gênese do TEA e mais estudos moleculares se fazem necessários para a compreensão dos processos responsáveis por danificar a via.