

Análise de bioinformática em placentas de gestantes com Covid-19 a partir de dados de expressão disponíveis em repositórios públicos

Vinícius Oliveira Lord¹
Douglas Pereira Elizandro²
Caroline Reis da Silva³
Thayne Woycinck Kowalski⁴

Resumo: A Covid-19, uma doença infecciosa causada pelo SARS-CoV-2 tem como sintoma principal a síndrome respiratória aguda grave. As rápidas avaliações realizadas durante a pandemia demonstram que a infecção pelo vírus SARS-CoV-2 pode ativar respostas imunes inatas e adaptativas. Além disso, ativa fortes respostas inflamatórias, que se descontroladas podem causar graves danos a tecidos locais e sistêmicos. A Covid-19 durante a gravidez ainda é uma preocupação. Gestantes têm elevadas chances de desenvolver sintomas graves e também complicações pela Covid-19. Dentre as complicações, existem registros de má perfusão vascular, deposição de fibrina na vasculatura fetal dentro da placenta e ruptura prematura da membrana fetal, podendo causar o nascimento prematuro do feto. A infecção viral pode ocorrer de forma vertical ao feto, ou indiretamente pela placenta. A placenta age como uma barreira física e imunológica entre mãe e feto, protege de infecções, rejeição materna e também facilita troca de nutrientes e resíduos. Neste trabalho foi realizada uma análise de amostras de placentas infectadas pelo SARS-CoV-2 através de protocolos de bioinformática. Na plataforma *Gene Expression Omnibus* (GEO), foi localizado o estudo GSE171995, um microarranjo de RNA do tecido viloso da placenta, obtido no parto a termo de mães sem Covid-19 (controles) e com diagnóstico positivo para a infecção. A análise da expressão gênica destas amostras foi inicialmente realizada através da plataforma Galaxy, inserindo as amostras via *fastq-dump* (extração dos dados), seguido de alinhamento pelo *Bowtie2*, verificando-se a qualidade do alinhamento (>75%) e realizando a contagem da expressão desses genes com o *featureCounts*. Em sequência, foi analisada a expressão gênica diferencial por linguagem R (v. 3.6.2), utilizando o pacote *edgeR* é feito a análise de expressão diferencial. Foram filtrados e considerados significativos apenas genes com expressão alterada representada por $\log_{2}FC \geq 2$ ou ≤ -2 e com um Valor-P $\leq 0,05$. Após essa etapa, através do *g:Profiler* com a ferramenta *g:GOS* foi visto o enriquecimento gênico, ou seja, a quais processos biológicos estes genes estão mais

¹ Graduando de Biomedicina. Centro Universitário Cesuca. E-mail: viniciusoliveiralord@gmail.com.

² Graduando de Enfermagem. Centro Universitário Cesuca. E-mail: contatodouglas.elizandro@outlook.com.

³ Graduanda de Enfermagem. Centro Universitário Cesuca. E-mail: carolinereisdasilva4@hotmail.com.

⁴ Professora Adjunta de Biomedicina e Enfermagem, Centro Universitário Cesuca. Biomédica, Doutora em Genética e Biologia Molecular. E-mail: thayne.kowalski@cesuca.edu.br.

associados. Essa análise resultou em 721 genes significativos dos 28.390 genes avaliados no microarranjo, sendo que 10 genes tinham expressão diminuída e 731 expressão aumentada. É possível ver grande alteração em genes ligados a resposta imune, resposta humoral antimicrobiana, ativação de neutrófilos, resposta de defesa a outro organismo, interação citocina-receptor de citocina e imunidade mediada por leucócitos. Este trabalho é uma exploratória, porém, podemos ver que existem diversos fatores com alterações na expressão gênica que poderiam auxiliar a explicar os partos prematuros ocorrendo em gestantes positivas para Covid-19. As perspectivas para este trabalho são aprofundar os estudos nos genes com expressões alteradas, a fim de encontrar pistas que expliquem o desenvolvimento de sintomas graves e todas outras complicações que vêm ocorrendo em gestantes.

Palavras-chave: Bioinformática; Covid-19; Genética.

ⁱ Este resumo foi destaque na XV Mostra de Iniciação Científica do Cesuca 2021.