

Identificação e anotação funcional de RNAs não codificantes longos utilizando dados de RNA-seq de *Schistosoma mansoni*

VICTOR FERNANDES DE OLIVEIRA (Autor), Lauro Ângelo Gonçalves de Moraes (Co-Autor), Ester Alves Mota (Co-Autor), Renata Guerra-Sá (Orientador)

Instituição de Ensino - Universidade Federal de Ouro Preto

Palavras Chaves:

Schistosoma mansoni, lncRNAs, regulação gênica, RNA-seq.

Resumo:

A esquistossomose é considerada uma doença debilitante de grande impacto socioeconômico no mundo sendo causada por platelmintos do gênero *Schistosoma*. Uma das principais espécies desse gênero é o parasito *Schistosoma mansoni* que apresenta um ciclo de vida bastante complexo. Acredita-se que a complexidade da diferenciação e desenvolvimento observado entre os diferentes estágios evolutivos e ambientes onde o parasito vive seja dependente da regulação da expressão gênica. Uma das principais classes que regulam essa expressão gênica são os RNAs longos não codificantes (lncRNAs), transcritos com mais de 200 nucleotídeos e que não codificam proteínas, apresentando diversas funções regulatórias no DNA, RNA e nas proteínas. A hipótese desse trabalho é que esses lncRNAs possam regular em diferentes níveis o genoma e o transcrito do parasito, contribuindo para uma adaptação rápida ao hospedeiro mamífero. Para investigar essa hipótese, foi desenvolvido um pipeline computacional para a predição de lncRNAs no genoma do *S. mansoni*. Dados provenientes de RNA-seq de vermes adultos, cercárias, esquistossômulos mecanicamente transformados de 3h e 24h foram analisados por diversos algoritmos que realizaram o mapeamento das bibliotecas de RNA, montagem dos transcritos, e a utilização de vários filtros. Esses lncRNAs preditos foram finalmente caracterizados incluindo suas possíveis funções e 5 deles selecionados para a análise da expressão no estágio de verme adulto. O pipeline desenvolvido identificou 644 lncRNAs para o estágio de verme adulto, 1.577 para o estágio de cercária e 666 e 630 para os estágios de esquistossômulos de 3.5h e 24h respectivamente. Os lncRNAs selecionados mostraram-se expressos em vermes adultos, entretanto, sem diferencia significativa entre os sexos. Esses resultados mostram o primeiro conjunto de lncRNAs de *S. mansoni* identificados a partir das formas evolutivas do parasito e abrem perspectivas para um melhor entendimento da relação parasito-hospedeiro.

Publicado em:

- Evento: Encontro de Saberes 2017
- Área: CIÊNCIAS DA VIDA
- Subárea: BIOLOGIA MOLECULAR