DESENVOLVIMENTO DE UMA BASE DE CONHECIMENTO PARA LÚPUS ERITEMATOSO SISTÊMICO

Victor Angelo Legat Cerqueira (PIBIC/FA), Adriano Ferrasa (Orientador), e-mail: ferrasa@uepg.br.

Universidade Estadual de Ponta Grossa, Departamento de Informática.

Ciência da Computação (1.03.00.00-7) / Metodologia e Técnicas da Computação (1.03.03.00-6)

Palavras-Chave: *Lúpus Eritematoso Sistêmico, base de conhecimento biológico, plataforma Web, transcriptoma humano*

Resumo

Lúpus Eritematoso Sistêmico (LES) é uma doença autoimune crônica de origem genética, a qual causa processos inflamatórios em diferentes órgãos do corpo humano. Considerando fatores genéticos envolvidos no desenvolvimento desta doença, recursos que venham a proporcionar a descoberta de novos caminhos para o entendimento de questões genéticas do LES são fundamentais. Neste sentido, o uso de tecnologias que venham a fornecer meios para acessar e correlacionar tais dados genéticos, são valiosos para pesquisas na área. Desta forma, o presente projeto desenvolveu uma base de conhecimento disponível via Web a qual catalogou informações genéticas atualizadas sobre LES.

Introdução

A etiologia do LES é sugerida como sendo de origem multifatorial resultante da interação de fatores genéticos, hormonais, ambientais e infecciosos (Costi et al., 2017), possuindo uma incidência global de 5,14 casos por 100.000 pessoas ao ano (Tian et al., 2023). Assim, torna-se fundamental uma maior compreensão sobre as questões genéticas desta doença. Neste sentido, a utilização de tecnologias computacionais proporciona meios para acessar e correlacionar dados genéticos de LES, os quais são essenciais para a condução de pesquisas na área. Com isso, este trabalho desenvolveu uma aplicação Web que disponibiliza uma base de conhecimento de informações genéticas atuais sobre LES.

Materiais e Métodos

A identificação de variantes genéticas associadas ao LES foi feita por meio de uma revisão da literatura, utilizando a base OMIM (*Online Mendelian Inheritance in Man*), utilizando critérios de busca pré-estabelecidos. Dados base para a expressão de genes de pacientes com LES foram obtidos através do banco de dados público BioProject disponibilizado pelo *National Center for Biotechnology Information* (NCBI). Para os dados genéticos de LES levantados, foi criado um modelo de banco de dados e implementado no PostgreSQL versão 14. Através de uma pesquisa exploratória, foram definidas, com base em critérios de eficiência e flexibilidade, tecnologias adequadas para o desenvolvimento da plataforma Web. Para o desenvolvimento foi utilizada a linguagem JavaScript e o *framework* Next.js. Para a implantação do sistema foi utilizado um *container* Docker.

Resultados e Discussão

O banco de dados criado contém informações sobre análises de expressão gênica de pacientes com LES para um total de 1188 amostras. Ainda, dados de 177 variantes genéticas em genes causais para LES foram inseridos no banco de dados. Todas estas informações foram disponibilizadas através de uma aplicação Web denominada SLEKB disponível através do endereço http://bioinfo.deinfo.uepg.br/slekb.

Conclusão ou Conclusões

A plataforma Web desenvolvida oferece um catálogo abrangente de variantes genéticas relacionadas ao LES, bem como uma base contendo todos os estudos expressão gênica de LES disponíveis publicamente até o momento. Isso fornece um recurso fundamental para a comunidade científica em estudos que buscam a compreensão a nível molecular desta doença.

Agradecimentos

À UEPG pelo apoio financeiro. Ao Prof. Dr. Luciano Jose Senger (LCAD, UEPG), Prof. Dr. Alysson Muotri (UCSD, USA) e Prof. Dr. Roberto H. Herai (LaBiN, PUCPR), pela colaboração na disponibilização de estrutura computacional para este projeto.

COSTI, L. R. et al. Mortalidade por lúpus eritematoso sistêmico no Brasil: avaliação das causas de acordo com o banco de dados de saúde do governo. **Revista Brasileira de Reumatologia**, v. 57, n. 6, p. 574–582, nov. 2017.

TIAN, J. et al. Global epidemiology of systemic lupus erythematosus: a comprehensive systematic analysis and modelling study. **Annals of the Rheumatic Diseases**, v. 82, n. 3, p. 351–356, mar. 2023.

ISSN 1676-0093