



ESTUDO DA PLASTICIDADE TRANSCRICIONAL DO SISTEMA DIGESTIVO DE HELICOVERPA ARMIGERA POR MEIO DA MINERAÇÃO DE DADOS DE RNA-SEQ

EDUARDO VICENTE MALLAMA CADENA; BAIRON JESUS MATABANCHYO PEJENDINO;
PEDRO ALEXANDER VELASQUEZ VASCONEZ

INTRODUÇÃO: *Helicoverpa armigera* é uma praga extremamente polífaga que está presente em todos os continentes do mundo. Alguns estudos indicam que a plasticidade alimentar dos insetos generalistas pode ser consequência da regulação transcricional de genes que codificam enzimas digestivas. Atualmente, modelos preditivos de regulação transcricional estão sendo propostos da análise de dados de RNA-seq depositados no NCBI. **OBJETIVO:** Estudar a plasticidade transcricional do sistema digestivo de *H. armigera* por meio da mineração de dados de RNA-seq disponíveis no NCBI. **METODOLOGIA:** Os dados de RNA-seq da *H. armigera* foram baixados do repositório NCBI-SRA usando o programa SRA-TOOLKIT v3.0.0. Os dados foram pre-processados usando o programa Trimmomatic v0.38 e o controle de qualidade (Phred<25) foi realizado pelo programa FastQC v0.11.9. O mapeamento dos reads no genoma de referência (GCA_002156985.1) foi realizado utilizando o programa STAR v2.7.10a. Uma matriz de dados foi construída com os valores de TPM para implementar modelos de *machine learning* supervisionado e não supervisionado, usando o software R v4.2.2. **RESULTADOS:** Os resultados do pré-processamento revelaram que os melhores parâmetros para realizar o controle de qualidade foram *Leading* (25) e *trailing* (25), com taxas de mapeamento de 75,86% e 81,67%, respectivamente. Um total de 50 genes que codificam enzimas serino peptidase com a tríade catalítica completa (His57, Asp102 e Ser195) foram identificados. Os resultados revelaram que grupos de genes proteolíticos são co-expressos e podem atuar em conjunto em processos biológicos específicos. Ao mesmo tempo, genes serino peptidases sem a tríade catalítica completa (homólogos) estão sendo co-expressos, sugerindo que poderiam ter um papel adicional (não catalítico) no intestino da *H. armigera*. **CONCLUSÕES:** Existe uma tendência de formar dois grandes grupos de genes co-expressos que provavelmente são regulados em função do desenvolvimento ou das necessidades alimentares do inseto. Genes de enzimas não catalíticas também são regulados, mas as funções são por completo desconhecidas. Atualmente, estamos estudando os genes com funções regulatórias (fatores de transcrição) que podem estar envolvidos na regulação dinâmica das serino peptidases.

Palavras-chave: *Helicoverpa armigera*, Plasticidade alimentar, Data-mining, Rna-seq, Machine learning.