



INVESTIGAÇÃO DO GENE GPNBM COMO POTENCIAL BIOMARCADOR DE CÂNCER GÁSTRICO USUFRUINDO DOS ALGORITMOS DE INTELIGÊNCIA ARTIFICIAL

Bianca de Andrade Lopes (PIBIC-CNPq-Ensino Médio), Fernanda Pessi de Abreu, Marcos Vinícius Rossetto, Ivaine Tais Sauthier Sarto, Scheila de Avila e Silva (Orientador(a))

O câncer, ou neoplasia maligna, corresponde a um grupo com mais de cem doenças. Entre essas está o câncer gástrico (CG) que não possui sintomas específicos, podendo ser assintomático. Uma vez que o diagnóstico precoce é um desafio, torna-se pertinente a utilização de indicadores biológicos ou, como também são chamados, biomarcadores. O gene GPNMB, codificador de uma glicoproteína de membrana, está envolvido em processos patológicos de inflamação e diferenciação celular (fatores que contribuem para a progressão do câncer). Nesse sentido, considerando a associação desse gene com desenvolvimento de neoplasias, o objetivo deste trabalho foi analisar a potencialidade de GPNMB como biomarcador para o CG. Para isso, os perfis de expressão gênica de tecidos tumorais e não tumorais adjacentes (NT) foram extraídos do banco de dados *Gene Expression Omnibus* e posteriormente processados manuseando uma ferramenta desenvolvida pelos próprios pesquisadores do laboratório. A mineração dos dados de expressão ocorreu por meio dos algoritmos de Árvore de Decisão e *K-means*, operando a ferramenta Orange DataMining v.3.26.0.. Os estudos selecionados foram o GSE33335 (25 amostras NT e 25 amostras tumorais) e o GSE54129 (22 amostras NT e 111 amostras tumorais). O algoritmo *K-means* possibilitou o agrupamento das amostras dos estudos em três e quatro *clusters*, respectivamente. A pureza destes variou de 95-100% de acordo com a classificação em tumoral e NT. Além de usufruir da metodologia de clusterização, a Árvore de Decisão obtida para os dados do GSE33335 evidenciou que se o valor de expressão gênica for menor ou igual a 3,3 as amostras serão NT, em contraponto se esse valor for $> 3,3$ as amostras serão tumorais. De forma semelhante, para o GSE54129 o valor de expressão do gene GPNMB também foi capaz de classificar as amostras em NT e tumorais. Para esse conjunto de dados, se o valor de expressão for menor igual a 8.02, as amostras serão NT, caso o contrário, tumorais. É comum que as amostras NT e tumorais relacionadas ao CG tenham valores de expressão semelhantes, dificultando o diagnóstico precoce. Entretanto, o gene GPNMB revelou-se um viável biomarcador, uma vez que foi possível identificar valores de expressão diferentes nas amostras de tecido NT e em tecido de CG. Sendo assim, conclui-se que a elucidação desse gene além de contribuir para o diagnóstico precoce do CG, pode evidenciar processos biológicos fundamentais da neoplasia em questão.

Palavras-chave: Câncer de estômago, Microarranjo, Expressão diferencial

Apoio: UCS, CNPq