



ANÁLISE DE EXPRESSÃO DIFERENCIAL DE GENES EM CÂNCER DE CABEÇA E PESCOÇO COM ÊNFASE EM CÂNCER DE TIREÓIDE

Nathália Rech (PROBIC-FAPERGS), Nikael Souza de Oliveira, Scheila de Avila e Silva (Orientador(a))

As células do corpo humano apresentam o mesmo genótipo, entretanto, diferentes fenótipos. Isso ocorre devido há mecanismos de regulação, que alteram os genes expressos em cada conjunto celular. Desse modo, entendendo o câncer como uma patologia genética com fenótipos anormais, espera-se encontrar marcadores moleculares relacionados a esta expressão gênica. O câncer de cabeça e pescoço é um termo guarda chuva, utilizado como agrupamento aos cânceres que ocorrem acima da região da clavícula, como o câncer de tireóide, com exceção do sistema nervoso central, pele, linfonodos, olhos, esôfago e traqueia. Com o advento das tecnologia “ômicas”, cada vez mais é possível a busca por dados biologicamente relevantes. Um exemplo desse tipo de tecnologia é a transcriptômica, baseada na análise dos transcritos de mRNA. Além disso, existem repositórios públicos internacionais, como o *Gene Expression Omnibus* (GEO), que armazena dados provenientes da técnica de transcriptômica chamada *microarray*. Nesta pesquisa, foram selecionados 3 conjuntos de dados presentes no banco GEO, sob o número de inscrição GSE6004, GSE65144 e GSE129562. Todos os conjuntos apresentavam amostras normais e amostras de câncer de tireoide. Utilizando o ambiente R, os dados foram baixados, manipulados e transformados em log₂. O conjunto de dados foi submetido a análise estatística bayesiana, e correção da taxa de falsa descoberta de Benjamini & Hochberg. Os pontos de cortes utilizados foram valor P ajustado <0,05 e log fold change >|1,5|. Após a identificação dos genes diferencialmente expressos por conjunto, estes resultados foram interseccionados com base no nome do gene. Por fim, obteve-se 13 genes diferencialmente expressos comuns aos 3 conjuntos: DTP, TFPI, LONFR2, CDH2, ETV5, TFF3, S100A1, PKHD1L1, TUSC3, PLA2R1, TNFRSF11B, ADAMTS9, TDRD9. Todos os transcritos identificados são referidos como genes associados a diferentes tipos de cânceres, sendo PKHD1L1 descrito como associado ao câncer de tireoide. Dessarte, a identificação de genes diferencialmente expressos, em condições normais e neoplásicas, permite uma exploração de novos potenciais biomarcadores para diagnóstico e tratamento, bem como alvos terapêuticos. Neste sentido, estudos de bioinformática, atuam como uma etapa de triagem com grande importância em novas descobertas relacionadas ao câncer.

Palavras-chave: Câncer de cabeça e pescoço, Câncer de tireoide , Genes

Apoio: UCS, FAPERGS