



ANÁLISE DE EXPRESSÃO DIFERENCIAL E REDE DE INTERAÇÃO EM CÂNCER DE CABEÇA E PESCOÇO COM ÊNFASE EM CÂNCER DE TIREOIDE E CÂNCER DE CAVIDADE ORAL

Nathália Rech (PIBIC-CNPq), Pedro Lenz Casa e Nikael Souza de Oliveira , Scheila de Avila e Silva (Orientador(a))

Entende-se que o câncer é uma patologia genética com fenótipos anormais e espera-se encontrar marcadores moleculares relacionados a essa expressão alterada. O câncer de cabeça e pescoço representa um grupo de patologias tumorais que ocorrem acima da região da clavícula. Além de maléfico à saúde, causa prejuízos físicos, fisiológicos e psicossociais devido à sua localização. Dessa forma, objetivou-se identificar possíveis biomarcadores relacionados ao câncer de tireoide e oral por meio de análise transcriptômica e rede de interações de proteína. Dados de expressão gênica referentes aos cânceres de tireoide e oral foram extraídos do *Gene Expression Omnibus* e preparados com o método *Robust Multi-Array Average*. Uma análise estatística bayesiana com correção da taxa de falsa descoberta de Benjamini & Hochberg foi aplicada, considerando *log fold change* $>|1,5|$ e *adjusted-p* $<0,05$. Todos os procedimentos foram desempenhados em linguagem de programação R. Após, uma rede de interação de proteínas foi produzida a partir dos genes diferencialmente expressos (DEGs) encontrados, desempenhada por meio do Software Cytoscape. A extensão StringApp foi utilizada para recuperar interações entre as proteínas codificadas pelos DEGs, sendo utilizado como parâmetros: escore de confiança $>0,80$, 40 interatores adicionais e organismo *H. sapiens*. Para câncer de tireoide foram encontrados 12 DEGs em tecido tumoral: CRABP1, CSGALNCT1, WSCD2, ITM2A, ID3, PAX8, SELENBP1, TNFRS11B, SDPR, LRP1B, MT1F e SGK233. Também obteve-se os DEGs: LOXL2, FAT1, SOD3 e DPT em câncer oral. Todos os DEGs encontrados possuem trabalhos relacionando-os com neoplasias, exceto CSGALNCT1, sendo esse um novo gene relacionado ao câncer. A rede de interação de proteínas contém 40 proteínas e 93 conexões. 5 DEGs formam conexões na rede principal, 6 não formaram conexões e o restante formou conexões com outras proteínas e não se ligaram na rede principal. Desses, PAX8 e FAT1 demonstraram maior centralidade. Dessa forma, a pesquisa desenvolvida apresenta contribuições importantes em termos dos genes identificados para câncer de cavidade oral e de tireoide com alterações em sua expressão. Por fim, a abordagem de biologia de sistemas utilizando uma rede de interação de proteínas permitiu destacar os genes mais centrais envolvidos no processo carcinogênico do câncer de cabeça e pescoço.

Palavras-chave: Câncer de cabeça e pescoço , Expressão gênica , Biomarcadores

Apoio: UCS, CNPq