

ESTUDO DA MUDANÇA DE EXPRESSÃO DE GENES E ALTERAÇÕES DE VIAS ASSOCIADAS AO SISTEMA IMUNOLÓGICO EM CÂNCER CERVICAL

SILVEIRA, Daner Acunha
RIBEIRO, Fernanda Machado
SIMÃO, Éder Maiquel (colaborador – UNIFRA)
GÓES, Evamberto Garcia (orientador)
danersilveira@furg.br

Evento: 14ª MPU
Área do conhecimento: Biofísica

Palavras-chave: câncer cervical; expressão de vias; sistema imune

1 INTRODUÇÃO

Recentemente, vias de ciclo celular, reposta de dano ao DNA e apoptose foram usadas para descrever um modelo associado a um mecanismo comum e os genes envolvidos na barreira de tecidos pré-câncer [1]. Entretanto, o comportamento de vias associadas ao sistema imunológico em relação ao desenvolvimento do câncer não tem sido caracterizado [2]. Este estudo tem como objetivo investigar a influência do sistema imunológico em diferentes estágios de câncer cervical.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

Os mecanismos de manutenção do genoma (GMM) são importantes para manter a estabilidade genética na célula, mas em caso de disfunções deste mecanismo, podem desencadear processos de displasia e, então, em alguns casos, inicializar o processo de formação do tumor maligno [3]. Em casos de disfunções relacionadas aos GMM, o sistema imunológico pode desempenhar funções com objetivo de eliminar células com instabilidade em seu material [4].

3 PROCEDIMENTO METODOLÓGICO

Este estudo considerou 23 vias do sistema imunológico. O estudo foi desenvolvido usando dados obtidos através da técnica de microarranjo e disponíveis pelo banco de dados Gene Expression Omnibus (GEO) [1]. Analisou-se um grupo de dados identificado como GSE63514, que continha 28 amostras de microarranjo de tecidos com câncer cervical, 24 amostras de tecido cervical normal (controle) e 76 amostras de tecidos com neoplasia intraepitelial cervical de grau I, II e III. Alterações das vias associadas ao sistema imunológico foram determinadas através do software GEO2R e a estatística t-Student foi usada para medir o nível de significância da diferença entre doença e controle [5]. Todas as vias foram extraídas do banco de dados NCI Pathway e analisadas através do software Viacomplex [1].

4 RESULTADOS e DISCUSSÃO

Os resultados obtidos mostraram alterações nas vias MHC- classe I e sistema imunológico adaptativo associadas aos tecidos com câncer. Em relação às amostras com neoplasia intraepitelial cervical, foram observadas mudança de expressão nas vias antígeno CD69 e antígenos MHC-classe II, considerando-se os diferentes graus de agressividade.

5 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Os resultados obtidos neste estudo são importantes para compreensão da dinâmica de transição pré-câncer para câncer considerando-se o desempenho do sistema imunológico nesses diferentes estágios da doença. Em uma segunda etapa do trabalho é previsto a ampliação da pesquisa considerando-se a expressão individual dos genes que constituem as vias do sistema imunológico.

REFERÊNCIAS

1. SIMÃO, Éder M., et al. Modeling the Human Genome Maintenance Network. **Physica A**, v.389, p. 4188-94, 2010.
2. SOLIN, Lawrence J. et al. A multigene expression assay to predict local recurrence risk for ductal carcinoma in situ of the breast. **Journal of the National Cancer Institute**, v. 105, p. 701-710, 2013.
3. HALAZONETIS, Thanos D.; GORGOULIS, Vassilis G.; BARTEK, Jiri. Na oncogene-induced DNA damage model for cancer development. **Science**, v. 319, p. 1352-1355, 2008.
4. AMIOT, Laurence et al. Biology of HLA-G in câncer: a candidate molecule for therapeutic intervention?. **Cellular and molecular life sciences**, v. 68, p. 417-431, 2011.
5. BARRETT, Tanya et AL. NCBI GEO: archive for functional genomics data sets-update. **Nucleic acids research**, v. 41, p. D991-D995, 2013.