13ª Mostra da Produção Universitária

Rio Grande/RS, Brasil, 14 a 17 de outubro de 2014.

DETERMINAÇÃO DA EXPRESSÃO DE GENES E PROTEÍNAS ASSOCIADOS AO SISTEMA HLA EM CÂNCER DE MAMA

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

Evento: 13ª MPU
Área do conhecimento: Física

Palavras-chave: câncer de mama; expressão de proteínas; HLA

1 INTRODUÇÃO

Com o aumento da expectativa de vida da população em países emergentes, como o Brasil, espera-se uma tendência de aumento nas taxas de incidência e mortalidade por câncer de mama nestas populações. Mudanças no estilo de vida e ações de caráter educativo, associados ao uso da tecnologia que possibilita o diagnóstico precoce do câncer de mama são procedimentos que podem ser usados para se reverter essa tendência. Este estudo tem como objetivo determinar a expressão de genes e proteínas em câncer de mama e investigar a influência do sistema HLA (antígenos leucocitários humano) no desenvolvimento desta doença.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

Disfunções dos mecanismos de manutenção do genoma (GMM) podem desencadear o processo da displasia e, então, inicializar o processo da formação do tumor maligno [1]. Os GMM envolvem vias que incluem os pontos de verificação do ciclo celular, a morte celular programada (apoptose), reparo e a recombinação do DNA [2,3]. Dessa forma, o sistema imunológico pode desempenhar funções relevantes contra semelhantes modificações celulares.

3 PROCEDIMENTOS METODOLÓGICOS

A expressão de genes e proteínas associados ao câncer de mama e a relação do sistema HLA com a doença foram obtidas através da técnica de microarranjos [3]. Analisou-se 43 amostras de microarranjos de tecidos de câncer de mama e 43 amostras de tecidos adjacentes da mama normal (controle). Essas amostras foram

13ª Mostra da Produção Universitária

Rio Grande/RS, Brasil, 14 a 17 de outubro de 2014.

obtidas do banco de dados Gene Expression Omnibus (GEO) e identificadas como GSE15852. A análise estatística dos dados foi realizada utilizando-se o pacote estatístico Limma (Modelo linear para dados de microarranjos) [4], disponibilizado pela Bioconductor. A mudança de expressão das proteínas associadas ao câncer foi determinada em relação ao controle através do uso do software GEO2R e a estatística t-Student foi usada para avaliar o nível de significância da diferenciação entre doença e controle [5]. Todas as vias, incluindo o sistema HLA, foram extraídas do banco de dados NCI Pathway e foram analisadas com o software Viacomplex [3].

RESULTADOS e DISCUSSÃO

Foram observadas alterações nas vias associadas ao sistema imunológico e nos mecanismos de reparo de danos do DNA (DDR), apoptose e ciclo celular nas amostras avaliadas relacionadas ao câncer de mama. Entretanto, os resultados obtidos sobre a expressão de vias relacionadas ao sistema HLA decorrentes desse tipo de câncer ainda não são conclusivos.

5 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Os resultados obtidos neste estudo são importantes para a melhor compreensão do câncer considerando-se o desempenho do sistema HLA na evolução da doença.

REFERÊNCIAS

1. HALAZONETIS, T. D.; GORGOULIS. V. G.; BARTEK, J. An Oncogene-Induced DNA Damage Model for Cancer Development, **Science**, v.319 p.1352-55, 2008.
2. JEFFORD, C. E.; IRMINGER-FINGER, I. Mechanisms of Chromosome Instability in Cancers, **Elsevier Ireland**, v. 59, p.1-14, 2006.
3. SIMÃO, E. M.; CABRAL, H. C.; CASTRO, M. A. A., et al. Modeling the Human Genome Maintenance Network. **Physica A**, v.389, p. 4188-94, 2010.
4. Smyth, G. K.. Limma: linear models for microarray data. In: **Bioinformatics and Computational Biology Solutions Using R and Bioconductor**, ed. Springer, New York, 2005, p. 397–420.
5. BARRETT, T.; WILHITE, S.E.; LEDOUX, P. NCBI GEO: archive for functional genomics data sets – update. **Nucleic acids research**, v.41, p.991-5, 2013.