

**P 1205****Papel prognóstico de marcadores de autofagia em carcinoma epidermoide esofágico e câncer colorretal: uma análise do Banco de Dados TCGA**

Ricardo Iserhard; Andréa Baldasso Zanoni; Nayara Franco; Emily Ferreira Salles Pilar; Eduardo Cremonese Filippi-Chiela - UFRGS

**INTRODUÇÃO:** o carcinoma epidermoide esofágico (CEE) é o câncer esofágico mais prevalente na região sul do Brasil. Pela ausência de sintomatologia precoce costuma ter diagnóstico tardio e prognóstico reservado. O adenocarcinoma de colon (ACC) é o terceiro mais prevalente entre todos os tipos tumorais. Em ambos os tumores o melhor prognóstico está associado ao diagnóstico e tratamento precoces. Autofagia é um processo fisiológico de degradação de proteínas e organelas, caracterizado pela passagem de material citosólico, através de autofagossomos, para lisossomos onde ocorre a degradação deste material e posterior reutilização no funcionamento celular. Genes relacionados com autofagia (família de genes Atg) têm expressão alterada e parecem ter potencial prognóstico em diversos tipos de câncer. O The Cancer Genome Atlas (TCGA) é um banco de dados do National Institute of Health (NIH/USA), o qual oferece dados acerca do perfil genético, incluindo sequenciamento do DNA e transcriptoma, de centenas de amostras dos principais tipos de câncer. **OBJETIVOS:** avaliar o papel prognóstico de marcadores de autofagia no CEE e no ACC, a partir de análise do banco de dados TCGA. **MATERIAIS E MÉTODOS:** foram utilizados dados do transcriptoma (plataforma HiSeq - Illumina) do banco de dados TCGA. A análise foi realizada considerando 40% dos pacientes para separação dos grupos Alta Expressão(A) e Baixa Expressão(B) dos marcadores de autofagia, totalizando 68 pacientes no CEE e 108 pacientes no ACC. **RESULTADOS** – no CEE a expressão aumentada dos genes ATG7, ATG12 e ATGL16 está associada com uma sobrevida média (taxa de sobrevivência de 50% dos pacientes) superior ao dobro de dias (d) daqueles com baixa expressão (ATG7A/B: 1405d/694d; ATG12A/B: 1458d/610d; ATG16A/B: 1781d/801d); por outro lado o gene regulador AMBRA1 mostrou perfil inverso (AMBRAA/B: 694d/2532d). Da mesma forma, no ACC níveis aumentados de marcadores de autofagia se mostraram associados a melhor prognóstico - MAP1LC3 (p=0.05), BECN1 (p=0.02), SQSTM1 (p=0.01), NBR1 (p=0.03), ATG9A (p=0.01), AMBRA1 (p=0.04). **CONCLUSÃO:** níveis aumentados de autofagia parecem estar associados com melhor prognóstico em pacientes com CEE e CRC, sugerindo que a avaliação dos níveis de autofagia pode oferecer uma nova abordagem prognóstica no CEE e ACC. **PERSPECTIVAS:** analisar por IHQ os níveis de expressão de 3 proteínas chave na autofagia (MAP1LC3, BECN1 e SQSTM1) em amostras de CEE e ACC em comparação com o tecido não tumoral. **Unitermos:** Carcinoma epidermoide esofágico; Adenocarcinoma de colon; Autofagia