



<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2020: SIC - XXXII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2020
<b>Local</b>	Virtual
<b>Título</b>	Análise transcriptômica dos genes envolvidos no processo de Unfolded Protein Response em glioblastoma
<b>Autor</b>	FERNANDA DITTRICH PINTO OLIVEIRA
<b>Orientador</b>	GUIDO LENZ

## **Análise transcriptômica dos genes envolvidos no processo de Unfolded Protein Response em glioblastoma**

**Aluno:** Fernanda Dittrich Pinto Oliveira

**Orientador:** Guido Lenz

**Instituição:** Universidade Federal do Rio Grande do Sul

No microambiente tumoral, diversos estímulos acarretam o acúmulo de proteínas mal dobradas no retículo endoplasmático (RE). Esse processo é chamado de estresse do RE e induz a ativação de uma cascata de sinalização: a Unfolded Protein Response (UPR). A UPR visa aumentar a capacidade de enovelamento proteico do RE e, conseqüentemente, restabelecer a homeostase celular. Contudo, quando o estresse é permanente, a UPR induz o processo de morte celular por apoptose. Diversos estudos vêm mostrando o potencial antitumoral da modulação do estresse do RE em diferentes tipos de câncer. Sabendo da necessidade de buscar novos alvos terapêuticos para o tratamento de glioblastoma (GBM), o tumor cerebral mais comum e com maior letalidade, o objetivo do trabalho é avaliar a expressão diferencial dos principais genes da UPR e a relação desses genes com a sobrevida dos pacientes com GBM, a fim de identificar possíveis fatores de risco e de proteção. Para isso, foram utilizados dados de expressão gênica por microarranjo e por RNA-seq retirados do TCGA e do GEO DataSets e analisados por meio dos programas Excel e R. Dos 15 principais genes envolvidos na UPR, 14 apresentaram expressão significativamente maior em tecidos de GBM em comparação a tecidos de cérebro normais, e um deles apresentou o comportamento oposto. Realizando a análise de sobrevida Kaplan-Meier (KM) com 34 genes envolvidos no processo, foram encontrados oito genes cuja expressão está relacionada com um pior prognóstico, dos quais cinco foram identificados como fatores de risco na análise de Hazard Ratio (HR). Ademais, dos dois genes considerados fatores de proteção pelo HR, um foi relacionado com um melhor prognóstico na análise de KM. Estes resultados, embora parciais, mostram que os genes da UPR são potenciais alvos terapêuticos em GBM e revelam a importância de estudar esse processo complexo.

**Financiamento:** CNPq