



XXXIII SIC SALÃO INICIAÇÃO CIENTÍFICA

| | |
|-------------------|---|
| Evento | Salão UFRGS 2021: SIC - XXXIII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS |
| Ano | 2021 |
| Local | Virtual |
| Título | Caracterização transcriptômica do processo de Unfolded Protein Response em pacientes com glioblastoma |
| Autor | FERNANDA DITTRICH PINTO OLIVEIRA |
| Orientador | GUIDO LENZ |

Caracterização transcriptômica do processo de Unfolded Protein Response em pacientes com glioblastoma

Aluno: Fernanda Dittrich Pinto Oliveira

Orientador: Guido Lenz

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 restabelecer a homeostase celular, mas também pode induzir o processo de apoptose quando o estresse é permanente. 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 objetivo do trabalho é realizar uma caracterização transcriptômica abrangente da UPR em pacientes com essa doença. Primeiramente, foram avaliadas a expressão diferencial dos principais genes da UPR e a relação desses genes com a sobrevida dos pacientes. Para isso, foram utilizados dados de expressão gênica retirados do TCGA e do GEO DataSets e analisados por meio dos programas Excel e R. Dos 25 principais genes envolvidos na UPR, 23 apresentaram expressão significativamente maior em tecidos de GBM em comparação a tecidos de cérebro normais, e dois deles apresentaram o comportamento oposto. Realizando curvas de sobrevida Kaplan-Meier (KM) e análises de Hazard Ratio (HR), cinco genes foram identificados como fatores de risco e dois como fatores de proteção por ambos os métodos de análise. Além disso, estão em andamento análises com dados de single-cell RNA-seq obtidos no GEO Datasets e que abrangem mais de 15.000 células provenientes de 9 pacientes com GBM. O processamento dos dados, a clusterização e as análises subsequentes foram realizadas utilizando o pacote Seurat do R. Com esses dados, foi possível avaliar a distribuição da expressão dos genes da UPR entre os tipos celulares dentro do microambiente tumoral e entre diferentes pacientes. Os resultados obtidos, mostram que os genes da UPR são potenciais alvos terapêuticos em GBM e revelam a importância de estudar esse processo complexo.