

# VALIDAÇÃO DE GENES DIFERENCIALMENTE EXPRESSOS EM CÉLULAS DE NEUROBLASTOMA HUMANO SH-SY5Y DIFERENCIADAS

Gabriel Henrique Hizo<sup>1</sup>  
Márcia Kauer-Sant'Anna<sup>1, 2, 3</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Psiquiatria Molecular, Hospital de Clínicas de Porto Alegre/ Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, Brasil;

<sup>2</sup>Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas: Bioquímica, UFRGS, Porto Alegre, Brasil;

<sup>3</sup>Programa de Pós-Graduação em Psiquiatria e Ciências do Comportamento, UFRGS, Porto Alegre, Brasil.

## INTRODUÇÃO

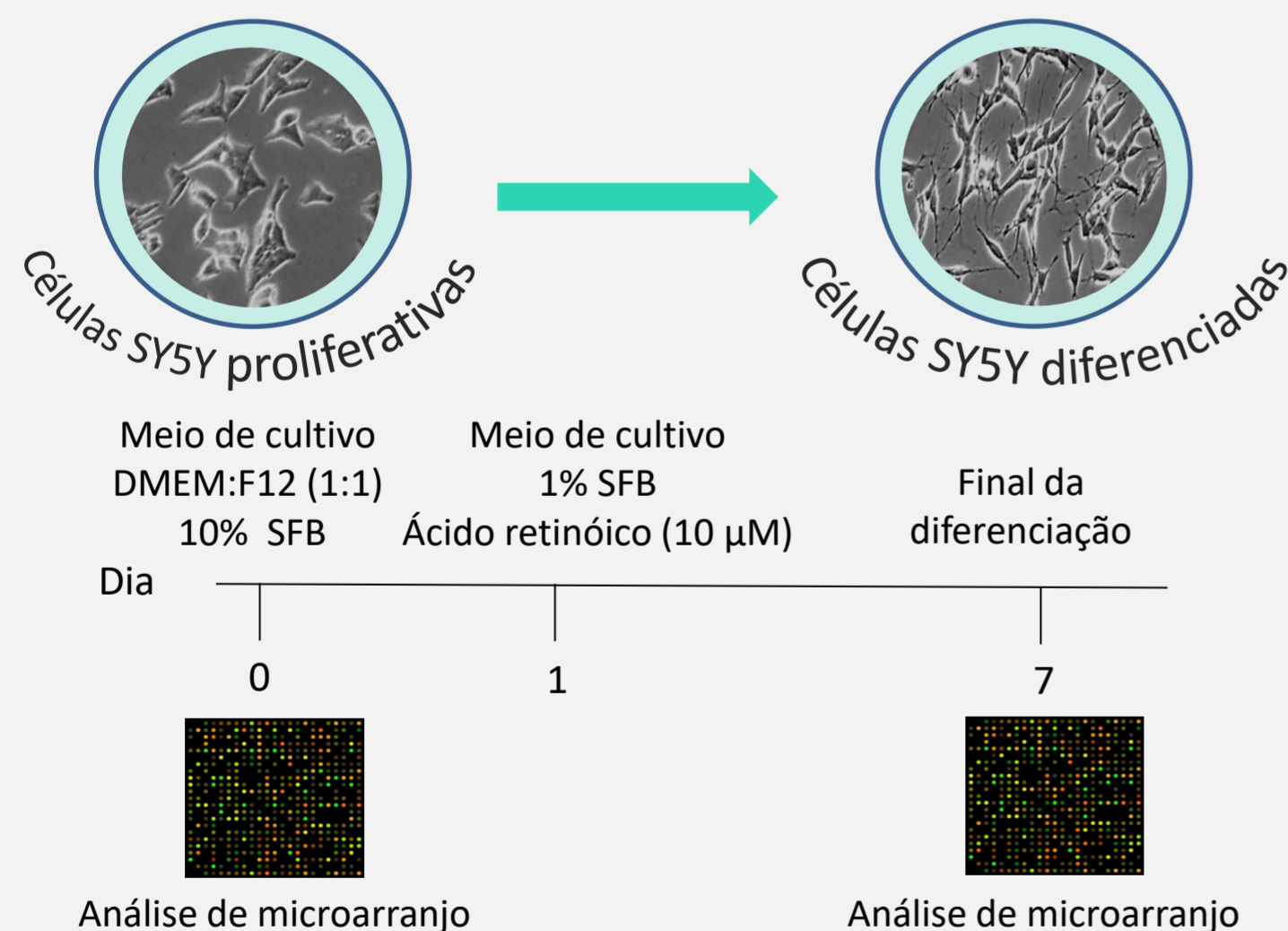
O modelo de diferenciação das células de neuroblastoma humano da linhagem celular SH-SY5Y em células com perfil neuronal tem sido proposto como uma ferramenta relevante em neurociências. A fim de melhor compreender o processo de diferenciação destas células e reforçar o uso deste modelo no estudo de vias moleculares associadas a doenças neuropsiquiátricas – em especial o transtorno bipolar – têm-se procurado aplicar técnicas de biologia molecular e abordagens de bioinformática.

## OBJETIVO

Caracterizar o perfil de expressão gênica das células SH-SY5Y em cada fenótipo (proliferativas e diferenciadas).

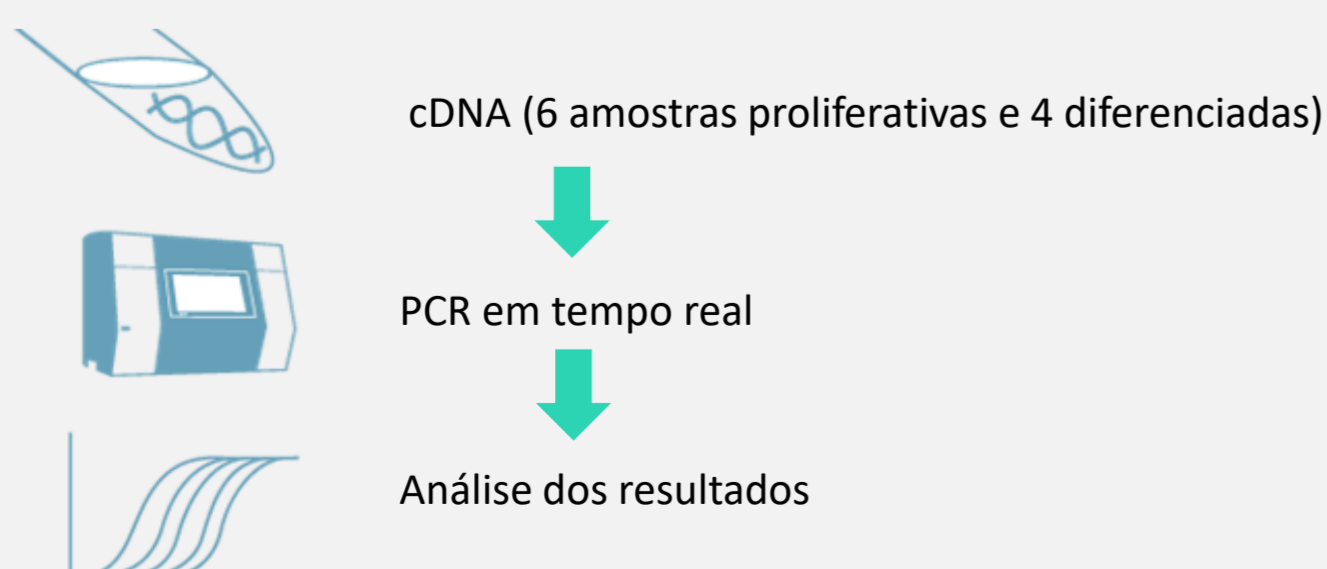
## METODOLOGIA

### Protocolo de diferenciação e análise de microarranjo



\*SFB: Soro Fetal Bovino

### Validação do microarranjo por PCR em tempo real



## RESULTADOS

Nos gráficos estão representados os genes que apresentaram amplificação no qPCR em 3 ou mais amostras de cada fenótipo (proliferativas e diferenciadas). Os genes **LMO4** e **NR4A3** não apresentaram amplificação no qPCR em amostras suficientes de células diferenciadas e amplificaram em todas as amostras de células proliferativas, confirmando os resultados do microarranjo. Os genes **GDF10**, **CYP26B1**, **CYP26A1**, **TGM2** e **NTRK2** não apresentaram amplificação no qPCR em 3 ou mais amostras de células proliferativas e amplificaram em todas as amostras de células diferenciadas, corroborando com os dados do microarranjo.

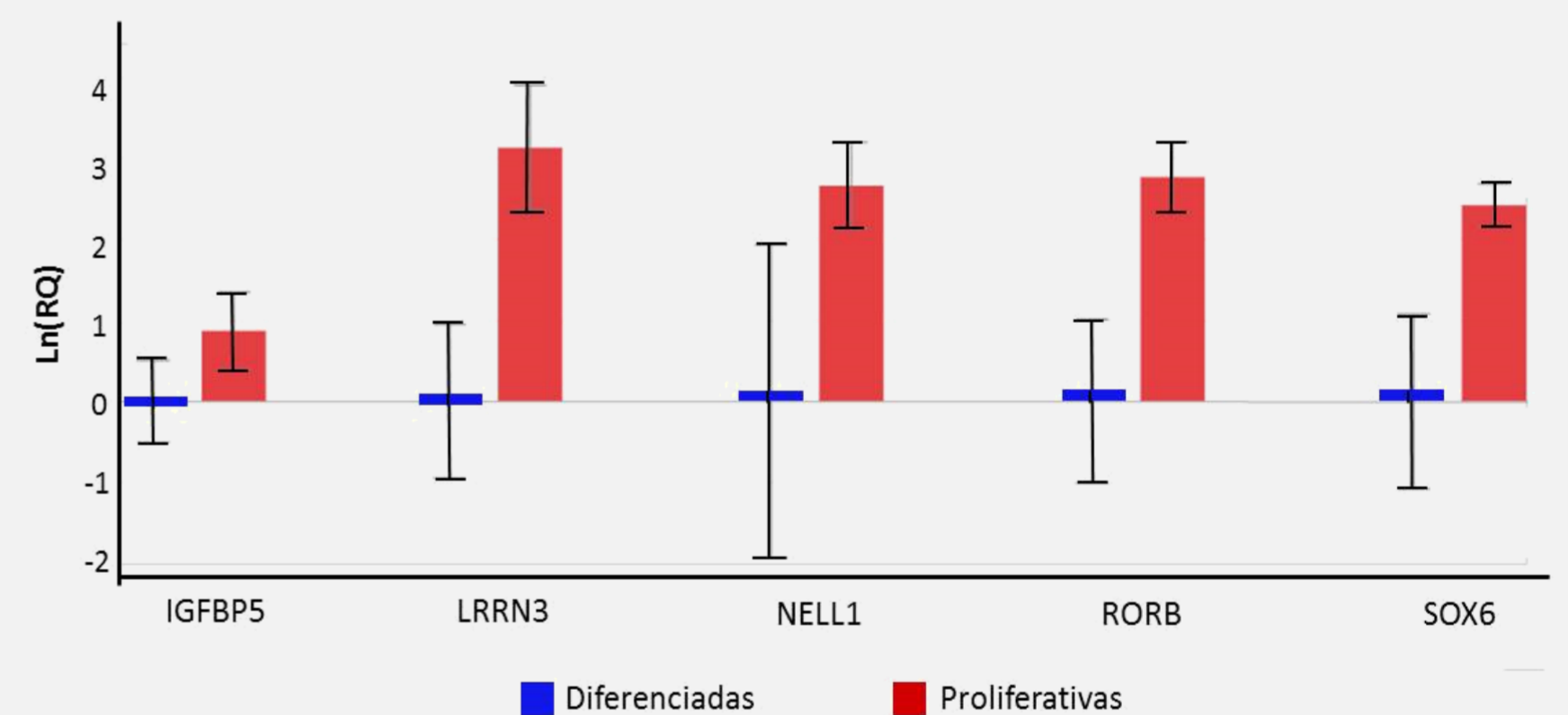


Gráfico 1: Genes diferencialmente expressos nas células proliferativas comparadas com as células diferenciadas.

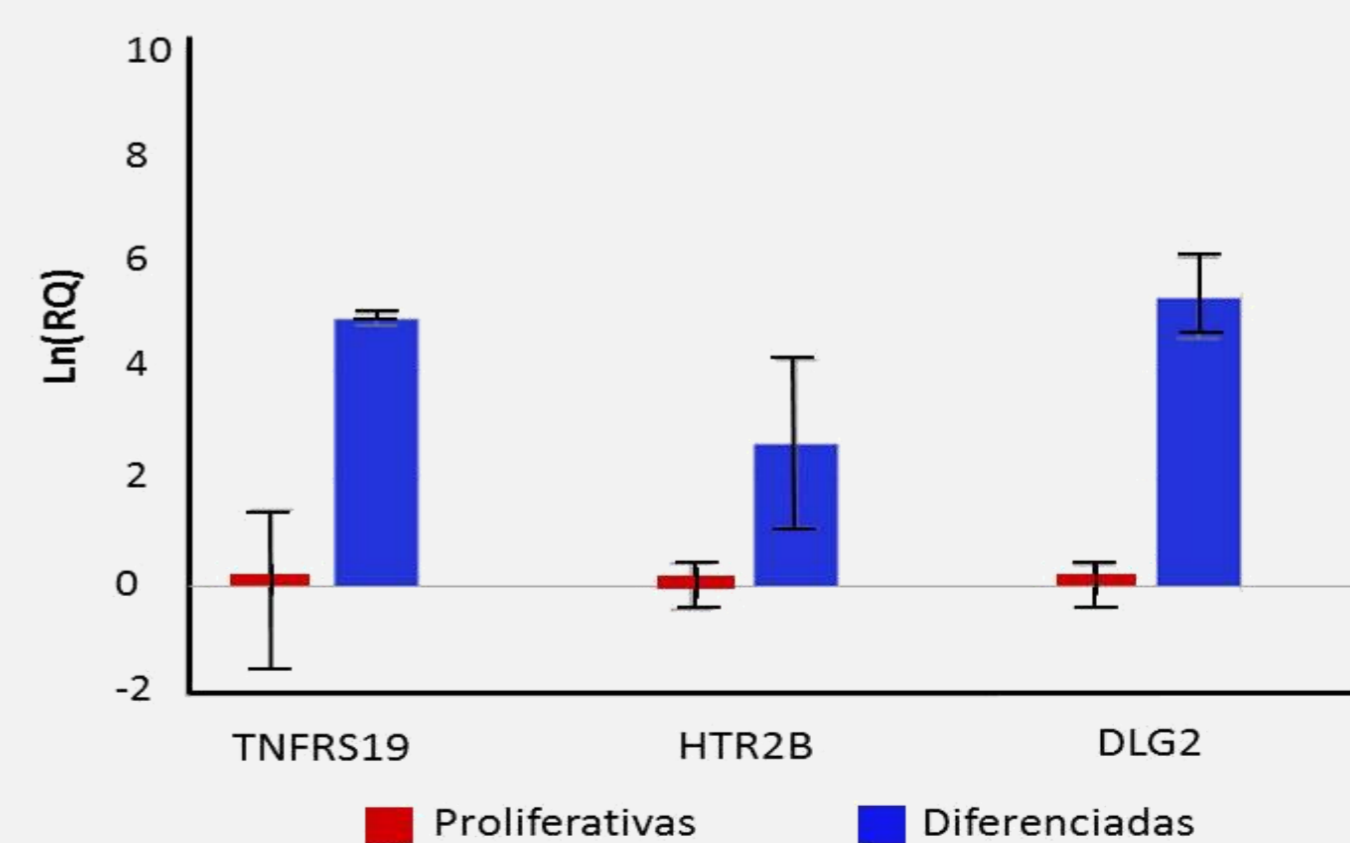


Gráfico 2: Genes diferencialmente expressos nas células diferenciadas comparadas com as células proliferativas.

## CONCLUSÃO

A caracterização do perfil de expressão gênica das células SH-SY5Y diferenciadas reforça o fenótipo neuronal deste modelo *in vitro* e o uso deste modelo no estudo de doenças que afetam o sistema nervoso, como o transtorno bipolar.