



Evento	Salão UFRGS 2020: SIC - XXXII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2020
Local	Virtual
Título	ANÁLISE DE ENRIQUECIMENTO FUNCIONAL DE GENES DIFERENCIALMENTE EXPRESSOS NA DOENÇA DE ALZHEIMER
Autor	VANESSA GOMES RAMOS
Orientador	EDUARDO RIGON ZIMMER

ANÁLISE DE ENRIQUECIMENTO FUNCIONAL DE GENES DIFERENCIALMENTE EXPRESSOS NA DOENÇA DE ALZHEIMER

Aluna: Vanessa Gomes Ramos
Orientador: Eduardo Rigon Zimmer
Universidade Federal do Rio Grande do Sul

Biomarcadores sanguíneos são uma alternativa menos invasiva e de menor custo quando comparados aos do líquido cefalorraquidiano e imagem utilizados na prática clínica. Dessa forma, possíveis biomarcadores sanguíneos para o diagnóstico da doença de Alzheimer (DA) vêm sendo investigados e avaliados por diversos grupos de pesquisa. Com o propósito de facilitar a compreensão da interface periferia-cérebro, a análise do sangue de indivíduos com a DA por tecnologias ômicas, ferramentas de bioinformática e redes biológicas podem auxiliar na identificação de processos biológicos alterados e na descoberta de novos biomarcadores. O objetivo deste trabalho é investigar os processos biológicos alterados na DA utilizando sangue periférico. Nossa hipótese é de que os perfis de transcriptoma sanguíneo de pacientes com DA refletirão mudanças no cérebro. Os perfis de transcriptoma sanguíneo foram obtidos na base de dados ADNI, sendo 99 indivíduos cognitivamente normais (CN) e 48 indivíduos com DA. Após, foi realizada análise de expressão diferencial gênica entre os dois grupos. Os genes diferencialmente expressos (GDEs) (valor $p < 0,05$) foram então submetidos à análise de enriquecimento funcional (AEF) de processos biológicos *Gene Ontology* (GO) e de vias de sinalização utilizando a plataforma *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes* (KEGG). A análise do transcriptoma das células sanguíneas identificou 1985 GDEs quando comparamos os grupos CN e DA. Os GO demonstraram estar relacionados principalmente a processos imunológicos e inflamatórios, o que condiz com o processo neuroinflamatório da doença, além de alterações no metabolismo de aminoácidos. Além disso, foi identificado um grande número de genes suprarregulados na DA. Os resultados desse trabalho indicam que a análise do transcriptoma sanguíneo de pacientes com DA pode refletir alterações cerebrais, demonstrando ser uma ferramenta útil para auxiliar na identificação de novos biomarcadores periféricos e futuramente no fornecimento de um diagnóstico precoce para a doença.