



Evento	Salão UFRGS 2020: SIC - XXXII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2020
Local	Virtual
Título	Identificação de pequenos RNAs urinários com potencial para uso como biomarcadores para o diagnóstico do câncer de próstata
Autor	GUILHERME GOLDSTEIN PECOITS
Orientador	KARINA MARIANTE MONTEIRO

Identificação de pequenos RNAs urinários com potencial para uso como biomarcadores para o diagnóstico do câncer de próstata

Guilherme Goldstein Pecoits

Orientadora: Profa. Dra. Karina Mariante Monteiro

Laboratório de Genômica Estrutural e Funcional, Centro de Biotecnologia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul

O câncer de próstata (CaP) é o segundo câncer mais incidente e a sexta causa de mortes por câncer na população masculina global. O CaP é um câncer de bom prognóstico se diagnosticado precocemente, porém as ferramentas diagnósticas atualmente disponíveis apresentam limitações importantes. O exame de toque retal e a biópsia são exames invasivos, enquanto o aumento do PSA (do inglês, *Prostate-Specific Antigen*) sérico não é específico para o CaP. Assim, a busca por biomarcadores não-invasivos e específicos é extremamente relevante para o diagnóstico mais preciso da doença. Nesse sentido, a urina tem se mostrado uma fonte interessante para a identificação de biomarcadores para doenças urológicas. Sendo assim, o objetivo desse trabalho é avaliar o perfil qualitativo e quantitativo de pequenos RNAs presentes na urina de pacientes com CaP, hiperplasia prostática benigna (HPB) e indivíduos saudáveis. Amostras de urina de indivíduos dos três grupos de estudo foram coletadas e organizadas em *pools* (3 *pools*/grupo; 10 amostras/*pool*). Os RNAs de exossomos urinários foram isolados a partir de cada *pool* de amostras utilizando o kit *Urine exosome RNA isolation* (Norgen). Os RNAs isolados foram submetidos a sequenciamento de nova geração (RNA-seq). As bibliotecas apresentaram alta qualidade, com *phred* score médio por base e por sequência maior que 30. Foram obtidos de 2,9 até 13 milhões de *reads* em cada biblioteca, dos quais em média 75% foram mapeados no genoma humano. Análises quantitativas preliminares identificaram pelo menos 40 RNAs com potencial para utilização como biomarcadores para o CaP. Dentre estes, é possível destacar o snoRNA U36C os miRNA hsa-mir-324 e hsa-mir-586, os quais foram identificados exclusivamente em amostras do grupo CaP. Esses RNAs serão validados em amostras individuais utilizando RT-qPCR. Os RNAs identificados podem representar potenciais biomarcadores para o CaP e ajudarão no desenvolvimento de futuros insumos diagnósticos, prognósticos e preditivos.

Financiamento: PPSUS, FAPERGS, DECIT/SCTIE/MS, CNPq, SES-RS e BIC/UFRGS