



**XXXIII SIC** SALÃO INICIAÇÃO CIENTÍFICA

<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2021: SIC - XXXIII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2021
<b>Local</b>	Virtual
<b>Título</b>	Diferenças estruturais entre controles e tecido tumoral em redes de co-expressão em câncer
<b>Autor</b>	LAURA GALANT SPEGGIORIN
<b>Orientador</b>	MARIANA RECAMONDE MENDOZA GUERREIRO

## Diferenças estruturais entre controles e tecido tumoral em redes de co-expressão em câncer

Laura Galant Speggorin, Profa. Dra. Mariana Recamonde Mendoza, Dra. Thayne Woycinck Kowalsk

Instituto de Informática, Universidade Federal do Rio Grande do Sul

O uso de amostras de tecido normal adjacente ao tumor (**AT**) é comum como grupo controle em estudos de câncer. Porém, trabalhos anteriores sugerem que o **AT** possui diferenças moleculares em relação ao tecido de indivíduos sem tumor (**ST**), questionando sua validade como controles. O objetivo deste trabalho é investigar possíveis diferenças em nível de rede biológica entre os dois grupos controles (**AT** e **ST**), e amostras de tecido tumoral (**TT**). Foi realizada uma análise e comparação sistemática de redes de co-expressão entre **TT**, **AT** e **ST** em quatro tipos de câncer. Coletamos dados de transcriptoma do TCGA e GTEx previamente processados. As redes de co-expressão foram geradas com limiar de correlação de Pearson  $|r| > 0.6$ . Dois conjuntos de genes foram definidos conforme as bases OMIM, GWAS, DisGenet, NCG e PubTator: genes positivos (POS), associados a câncer e genes negativos (NEG), sem associação prévia. Métricas de centralidade foram extraídas para os genes em cada rede e comparadas com testes estatísticos não-paramétricos. Os resultados indicam diferenças estruturais significativas na rede **AT** em relação às demais, com maior conectividade nos quatro casos: o número de conexões em **TT** em relação à **AT** variou entre 11% (mama) e 55% (pulmão), e em **ST** entre 14.4% (tireóide) e 37% (mama), indicando maior correlação entre as expressões de genes em **AT**. Foi observado, também, maior grau e menor *betweenness* em **AT**. Diferenças nas centralidades entre redes foram significativas ( $p < 0.01$ ) tanto de forma global como na análise dos conjuntos POS e NEG. Entre as centralidades dos genes POS e NEG em cada rede, porém, as diferenças foram significativas em **TT**, mas não em **ST**. É possível concluir que as redes de co-expressão **AT** e **ST** diferem bastante estruturalmente, corroborando a existência de diferenças moleculares entre estes tecidos que merecem investigação mais aprofundada.