



## XXXV SALÃO de INICIAÇÃO CIENTÍFICA

6 a 10 de novembro

<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2023: SIC - XXXV SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2023
<b>Local</b>	Campus Centro - UFRGS
<b>Título</b>	Análise transcriptômica pan-câncer revela importância do lisossomo em glioblastomas
<b>Autor</b>	THIAGO STEINDORFF KRUGER
<b>Orientador</b>	URSULA DA SILVEIRA MATTE

Com o aumento na expectativa de vida, o câncer tem se tornado uma das principais causas de morte nas últimas décadas. Estudos pan-câncer buscam identificar semelhanças e diferenças importantes entre características moleculares de cânceres distintos que podem levar a descoberta de novas informações, biomarcadores e terapias. Algumas proteínas e genes lisossomais, como as catepsinas, já tiveram seu envolvimento confirmado na patologia de diferentes tipos tumorais. Nesse estudo, nós buscamos investigar a extensão do envolvimento de genes lisossomais em cânceres humanos. Nós conduzimos uma revisão de literatura para filtrar genes lisossomais e utilizamos análise de expressão gênica diferencial (DEA) e análise de sobrevida de regressão de Cox para analisar 129 genes lisossomais em 29 cânceres humanos, usando os dados depositados no The Cancer Genome Atlas (TCGA). A DEA foi realizada usando o pacote TCGAbiolinks no R e a análise de sobrevida foi realizada no portal GEPIA2. Genes foram considerados diferencialmente expressos (DEG) quando seu  $\log_2FC > 2$ , e relacionados a sobrevida se o valor de  $p$  da regressão de Cox fosse  $< 0,05$ . Para garantir que os resultados diferissem do esperado para conjuntos gênicos aleatórios nós comparamos o número de resultados positivos do conjunto gênico lisossomal em cada câncer com a média de resultados positivos para 10 mil conjuntos aleatórios. Os resultados da DEA revelaram uma super-expressão significativa de genes lisossomais em glioblastoma multiforme (GBM). Esse foi o único câncer em que o conjunto lisossomal estava super-expresso em maior número que os conjuntos aleatórios. Os resultados da regressão de Cox indicaram que essa super-expressão é fortemente associada com um pior prognóstico em GBM. Nós identificamos *GUSB* como um novo gene diferencialmente expresso e relacionado a sobrevida em GBM, apontando que essa expressão é um promissor biomarcador para esse tipo tumoral.