

425

EXPRESSÃO DIFERENCIAL DE GENES APOPTÓTICOS EM LINHAGENS DE GLIOMAS.*Pítia Flores Ledur, Flávia Helena da Silva, Alessandra Sayuri Kikuchi Tamajusuku, Guido Lenz (orient.) (UFRGS).*

A morte celular fisiológica ocorre principalmente por **apoptose**, uma forma de morte celular programada evolutivamente conservada, influenciada por um amplo espectro de estímulos. Alterações no ciclo de vida da célula possuem importante papel em um grande número de doenças humanas, dentre elas o câncer. A caracterização dos genes presentes ou ausentes em determinados tipos tumorais é fundamental para a compreensão dos mecanismos que levam à malignidade e para o desenvolvimento de tratamentos eficientes. No presente trabalho, analisou-se a expressão de genes **pró-** e **anti-apoptóticos**, dentre os quais: p53, supressor de tumor deletado em diversos tumores; Bax, proteína pró-apoptótica da família Bcl2, envolvida na via intrínseca (mitocondrial); PTEN, fosfatase que se encontra deletada em muitos tipos de câncer, incluindo gliomas; Survivina, proteína superexpressa em vários tumores, com baixa expressão em tecidos normais, e cuja deleção induz à morte celular; Bcl2, proteína anti-apoptótica; XIAP, inibidor das caspases que levam à apoptose. A caracterização de linhagens de glioma em relação a estes genes foi feita por meio da técnica de RT-PCR, utilizando-se cDNA sintetizado a partir de RNA extraído de células em crescimento exponencial. Resultados indicam que as linhagens de glioma de rato C6 e de humano U87 são positivas para PTEN, p53, Bcl2, survivina, bax e XIAP, enquanto que a linhagem U251 expressa estes mesmos genes, exceto p53 e a linhagem humana U138 expressa somente a PTEN. Uma avaliação quantitativa em um número maior de linhagens de glioma poderá indicar as alterações que ocorrem em genes que regulam a apoptose em gliomas. Isto será utilizado para a identificação de genes candidatos para a interferência de RNA e super-expressão visando terapia gênica em gliomas. (BIC).