

ANGIOGÊNESE: PERFIL GENÔMICO EM LINHAGENS E AMOSTRAS CANCERIGENAS¹

Victória Maria Ramos Salomão², Jade Alexandra Silva Name³, Alexandre Moreira de Almeida⁴, Fabrício Garmus Sousa⁵, Renata Matuo⁶

¹ Projeto de PIBIC do Centro Universitário Unigran Capital

² Voluntária PIBIC, acadêmica do curso de Biomedicina do Centro Universitário Unigran Capital

³ Bolsista PIBIC, acadêmica do curso de Biomedicina do Centro Universitário Unigran Capital

⁴ Biomédico Patologista Clínico e Esteta pelo Centro Universitário Unigran Capital

⁵ Doutor em Biologia Celular e Molecular, docente do Centro Universitário Unigran Capital

⁶ Doutora em Biologia Celular e Molecular, docente do Centro Universitário Unigran Capital

A angiogênese é o processo pelo qual novos vasos sanguíneos são gerados. Este processo se inicia no desenvolvimento embrionário e ocorre durante a vida adulta em eventos fisiológicos e patológicos, além de ter uma enorme importância para o crescimento tumoral, uma vez que é responsável pelo fornecimento de oxigênio e nutrientes. Neste cenário, genes específicos desse processo de criação de novos vasos sanguíneos contribuem diretamente para a carcinogênese. Assim, o propósito deste trabalho se dá por identificar as principais alterações moleculares em genes da angiogênese. Para isso foi compilada uma lista destes genes envolvidos no processo de formação de novos vasos sanguíneos com base em uma extensa revisão literária, conseguinte essa lista foi utilizada para uma análise *in silico* nas plataformas CellMinerCDB e cBioPortal. Como resultado, foi observado que entre os 27 genes listados TEK, KDR e mTOR apresentaram as maiores frequências de alterações genômicas em ganho, perda de cópias e mutações. TEK apresentou até 22% de alterações nas linhagens disponíveis nos bancos de dados do CellMinerCDB, enquanto KDR apresentou até 10% e mTOR até 7% de alterações nesta plataforma. Quando consideradas as amostras tumorais disponíveis no cBioPortal, até 22% de alterações para TEK, 15% para KDR e 14% para mTOR sendo mais prevalentes as alterações em amostras derivadas de melanoma e câncer uterino. A partir dos dados obtidos neste trabalho, pesquisas que possuem um enfoque maior nos genes altamente alterados em melanoma tem um maior embasamento para poder se aprofundar, visto que no âmbito atual não há uma quantidade significativa de estudos concluídos ou em progresso que tratem deste tema em específico. Com a aplicação de futuros estudos é possível que se chegue a uma terapia altamente eficaz para o crescimento tumoral e para metástase.

Palavras-chave: TEK; KDR; mTOR; melanoma; CellMinerCDB