



<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2020: SIC - XXXII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2020
<b>Local</b>	Virtual
<b>Título</b>	A autorreciclagem de componentes das células pode contribuir no desenvolvimento do câncer?
<b>Autor</b>	STEFANO WALTER AGATTI
<b>Orientador</b>	EDUARDO CREMONESE FILIPPI CHIELA

## A autorreciclagem de componentes das células pode contribuir no desenvolvimento do câncer?

Stefano Walter Agatti<sup>1,2</sup>, Eduardo C. Filippi Chiela<sup>2,3,4</sup>

1. Aluno de Graduação em Biomedicina, UFRGS.
2. Grupo de Pesquisa em Biologia Celular e Molecular, Hospital de Clínicas de Porto Alegre.
3. PPG Gastroenterologia e Hepatologia, Faculdade de Medicina, UFRGS.
4. Departamento de Ciências Morfológicas, ICBS, UFRGS.

**Introdução:** Autofagia é o processo de degradação de componentes intracelulares próprios, envelhecidos ou danificados, para manter a homeostase celular. O processo é dirigido pelos genes ATG (*Autophagy-Related Genes*) e por proteínas adaptadoras que marcam os conteúdos a serem degradados. Estes genes têm expressão alterada em diversos tipos de câncer, e essa alteração parece ter potencial prognóstico em alguns tipos tumorais. **Objetivos:** Avaliar o potencial prognóstico de genes de autofagia, bem como a expressão diferencial entre tecido normal e amostras de diferentes estágios tumorais a partir do banco de dados *The Cancer Genoma Atlas*. **Métodos:** O fator prognóstico (FP) de 18 genes de autofagia foi avaliado no *kmplot.com*, para os 21 tipos tumorais disponíveis, considerando tercis e quartis opostos de expressão. Para análise da expressão diferencial entre tecido normal e amostras tumorais de diferentes estágios foi utilizada a plataforma *UALCAN*. **Resultados:** Dentre as 378 combinações possíveis (18 genes em 21 tipos tumorais), identificamos 74 (19%) potenciais FPs. Destes, 33 indicaram alta expressão associada com maior sobrevida média, e 41 baixa expressão com maior sobrevida (Bex=Msv). Carcinomas hepatocelular (LIHC) e renal (KIRC) tiveram 11 e 10 FPs cada, sendo os únicos com mais de 6 FPs. Em análise específica para o LIHC, todos os 11 FPs (ATG3, ATG4B, ATG5, ATG7, MAP1LC3B, ATG9A, ATG10, ATG12, ATG13, ATG16L1, SQSTM1) foram Bex=Msv. Na análise de expressão diferencial, todos os genes - com  $P < 0,05$  - apresentaram maior expressão no tecido tumoral em relação ao tecido normal. Encontramos que quanto maior a diferença na expressão frente ao tecido normal, maior o FP do gene ( $r=0,85$ ). Finalmente, analisando o estadiamento tumoral, observamos que a maior parte (10 de 15) e as mais significativas alterações na expressão ocorriam entre o tecido normal e estágio 1, sugerindo que a autofagia esteja mais envolvida no início da carcinogênese no LIHC.