

Introdução: O adenocarcinoma ductal pancreático (ADP) é uma neoplasia cuja incidência é quase igual à mortalidade. Poucos são os métodos diagnósticos disponíveis atualmente capazes de detectar com precisão e precocemente o ADP na população geral e, por esse motivo, estudos com biomarcadores moleculares são importantes nesse contexto. Biomarcadores são representados por proteínas, genes e pela expressão de miRNAs (pequenos RNAs envolvidos na regulação gênica) que podem indicar um determinado diagnóstico.

Objetivos: O objetivo geral do presente estudo consiste em avaliar a expressão gênica e o padrão de expressão de miRNAs em neoplasias malignas no pâncreas e fluídos a fim de identificar possíveis biomarcadores. Para isso, pretende-se avaliar a expressão dos genes *KRAS*, *DPM1*, *MDB3L2* e *ACRVI* na saliva e a expressão dos miRNAs miR-21, miR-34a e miR-155 na saliva, sangue e tecido de pacientes com e sem câncer.

Materiais e métodos: Foram incluídos pacientes com pancreatite crônica, sem lesões pancreáticas (controles saudáveis) e com adenocarcinoma ductal do pâncreas, recrutados do ambulatório de Vias Biliares e Pâncreas do Hospital de Clínicas de Porto Alegre. As amostras de saliva, sangue e tecido foram coletadas e os seus RNAs extraídos pelo kit mirVana PARIS. O cDNA foi sintetizado por dois diferentes métodos: High Capacity cDNA para análises de expressão gênica e Taqman® microRNA RT para análise de miRNAs. As reações de qRT-PCR foram realizadas através de ensaios TaqMan®, no equipamento StepOne.

Resultados e conclusões: Até o momento, foram coletados 49 pacientes com câncer de pâncreas, 15 pacientes controles saudáveis e 20 pacientes com pancreatite crônica. Testes pilotos com o controle endógeno RNU 6B demonstraram que as amostras de tecido apresentaram níveis de expressão altos e constantes (Ct 24-27), no entanto, não houve estabilidade considerável para as amostras de plasma e saliva (Ct variando de 33-39 para plasma e de 32-39 para saliva). Testes posteriores com o controle exógeno (miR-39 de *C. elegans*) demonstraram uma maior homogeneidade da expressão entre as amostras de saliva (Ct 18,7-20,6). As análises em relação à expressão dos genes *KRAS*, *DPM1*, *MDB3L2* e *ACRVI* em saliva e dos miRNAs nas diferentes amostras estão em andamento e resultados parciais serão posteriormente apresentados.