

A rota do NF κ B, *Nuclear Factor Kappa B*, é composta basicamente de duas rotas: canônica, associada a processos inflamatórios, e não-canônica, associada normalmente ao desenvolvimento. Sabe-se também, que em alguns tumores esta rota está associada à resistência a quimioterapia e radioterapia, além de processos metastáticos. Devido a sua relação com esses processos, a inibição dessa rota pode ser um bom alvo terapêutico em tratamento de doenças nas quais ela desempenha um papel fundamental, como no câncer e outras doenças inflamatórias. No glioblastoma multiforme, GBM, um dos tumores com o pior prognóstico (sem tratamento a sobrevida é de três meses e com tratamento a sobrevida média é de treze meses nos casos mais graves), sabe-se que a rota do NF κ B possui um papel fundamental, mas não se sabe exatamente como ela atua. O projeto tem por objetivo indentificar as diferenças dessa rota entre células saudáveis e células tumorais e usar essas diferenças para tentar indentificar quais células são tumorais e quais são normais. Além disso, pretende-se verificar como a relação entre os genes dessa rota se modifica ao longo do tempo. Inicialmente foram utilizados sete casos GBM e cinco controles e posteriormente foram utilizados cento e vinte GBMs e oito controles (existe uma dificuldade de conseguir um número razoável de controles visto que seriam transcriptomas de tecidos cerebrais de adultos saudáveis). A partir de dados de expressão gênica, construiu-se então grafos nos quais os nodos são os genes sabidamente pertencentes à rota NF κ B e os arcos representam correlações entre esses genes. Estudou-se mais de um tipo de correlação. Foram analisados os arcos e ciclos nesses grafos. Os resultados parciais foram: constatou-se um surgimento de arcos ligados aos genes RELB e NF κ B2 e como esses genes fazem partes da rota não-canônica do NF κ B isso pode significar que nos GBM a rota não-canônica do NF κ B pode estar atuando predominantemente. Posteriormente a rede será expandida para não incluir apenas os genes da rota, mas também genes que possuem relação com a mesma e possuem um papel importante em tumores, será feita a parte temporal da análise e se tentará indentificar identificar automaticamente quais transcriptomas são de células normais e quais são tumorais.