



<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2018: SIC - XXX SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2018
<b>Local</b>	Campus do Vale - UFRGS
<b>Título</b>	Validação de genes diferencialmente expressos em células de neuroblastoma humano SH-SY5Y diferenciadas
<b>Autor</b>	GABRIEL HENRIQUE HIZO
<b>Orientador</b>	MARCIA KAUER SANT ANNA

## **Validação de genes diferencialmente expressos em células de neuroblastoma humano SH-SY5Y diferenciadas**

Gabriel Henrique Hizo, Márcia Kauer-Sant'Anna

Universidade Federal do Rio Grande do Sul

**Introdução:** O modelo de diferenciação das células de neuroblastoma humano da linhagem celular SH-SY5Y em células com perfil neuronal tem sido proposto como uma ferramenta relevante em neurociências. A fim de melhor compreender o processo de diferenciação destas células e reforçar o uso deste modelo no estudo de vias moleculares associadas a doenças neuropsiquiátricas – em especial o transtorno bipolar – têm-se procurado aplicar técnicas de biologia molecular e abordagens de bioinformática.

**Objetivos:** O objetivo deste trabalho foi caracterizar o perfil de expressão gênica das células SH-SY5Y em cada fenótipo (células proliferativas e diferenciadas) e os processos biológicos relacionados.

**Métodos:** As células SH-SY5Y proliferativas foram cultivadas em meio DMEM:F12 (1:1) com 10% de soro fetal bovino (SFB). O protocolo de diferenciação das células envolve a redução de SFB para 1% e adição de 10  $\mu$ M de ácido retinóico durante sete dias. Após a diferenciação, a técnica de microarranjo foi realizada utilizando o *chip GeneChip® PrimeView™ Human Gene Expression Array* (Affymetrix), conforme orientações do fabricante; seguido da validação dos dados do microarranjo através da análise de expressão gênica por PCR quantitativo em tempo real. Análises de expressão diferencial de genes e de enriquecimento foram realizadas para avaliar os processos biológicos modulados diferentemente pela diferenciação das células.

**Resultados:** Os dados de expressão gênica obtidos no microarranjo foram depositados no repositório público *Gene Expression Omnibus* sob o número GSE71817. Os genes diferencialmente expressos nas células proliferativas (RORB, SOX6, IGFBP5, LRRN3, NELL1, LMO4, NR4A3) e nas células diferenciadas (GDF10, CYP26B1, CYP26A1, TGM2, NTRK2, TNFRSF19, HTR2B, DLG2) identificados no microarranjo foram validados. Com base nestes genes, identificamos os processos biológicos enriquecidos em cada fenótipo celular. Nas células proliferativas se destacam os processos relacionados à proliferação celular, metabolismo, biossíntese e regulação do ciclo celular. Já nas células diferenciadas, os processos enriquecidos estão envolvidos na sinapse, regulação dos níveis de neurotransmissores e do potencial de membrana.

**Conclusão:** A caracterização do perfil de expressão gênica das células SH-SY5Y diferenciadas reforçam o fenótipo neuronal deste modelo *in vitro* e o uso deste modelo no estudo de doenças que afetam o sistema nervoso, como o transtorno bipolar.