



SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA XXVIII SIC

paz no plural



Evento	Salão UFRGS 2016: SIC - XXVIII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2016
Local	Campus do Vale - UFRGS
Título	Ordenamento Pseudo Cronológico do Ciclo Celular
Autor	JOÃO MEDEIROS DINIS
Orientador	RITA MARIA CUNHA DE ALMEIDA

Ordenamento Pseudo Cronológico do Ciclo Celular

João Medeiros Dinis
Rita Maria Cunha de Almeida
IF-UFRGS

O ciclo celular é consequência de uma dinâmica metabólica extensiva, abrangendo o genoma completo. É o processo responsável pela proliferação celular sendo, portanto, importante na regeneração de tecidos e outras funções essenciais para sobrevivência dos organismos. Dado que existe uma grande dificuldade de identificar ou separar experimentalmente as fases do ciclo mantém-se uma classificação em 4 grandes fases. *G1* (aumento de volume ocasionado pela síntese de *RNA*), *S* (duplicação dos cromossomos), *G2* (mecanismo de controle para garantir que a célula está para entrar em mitose) e *M* (onde toda a energia celular é focada na duplicação). Sendo esta divisão artificial e associada a padrões visuais ou medidas de expressão de poucos genes, medidas de expressão de genoma completo poderiam ser utilizadas como marcadores para uma classificação contínua da progressão do metabolismo celular ao longo do ciclo. Uma medida comum para esta análise é o sequenciamento do *RNA* mensageiro ou *RNA-Seq*, a partir do qual se faz uma análise em larga escala de *cDNA* (*DNA* complementar), tendo assim, uma medida precisa de transcriptomas sem a necessidade de um conhecimento prévio da rede de genes. Um exemplo desta aplicação é o experimento mostrado no artigo *Buettner, et al., 2015*, onde foram utilizadas 288 células T de *Mus musculus*, previamente classificados como estando nas fases *G1*, *S* ou *G2M*. Este teve como intuito fazer uma classificação do ciclo celular para então descontar a variação no metabolismo e identificar diferenças entre populações distintas de células.

Neste trabalho, reanalisamos estes dados, reproduzindo seus controles de qualidade, aplicando *Transcriptogramas* (ferramenta que gera um perfil de expressão gênica suavizado, proposto pelos integrantes do *LabCel* do *IF-UFRGS*) e usando estes como parâmetros de entrada para uma análise estatística de componentes principais (*PCA*), técnica que realiza uma transformação linear sobre as amostras identificando as componentes que apresentam uma maior variância. Em seguida escolhemos as três componentes que mais separam entre as classes (*G1*, *S* e *G2M*) e projetamos estas sobre uma esfera neste plano tridimensional. Com base nessa separação, obtemos a identificação de um ciclo que identificamos como um ordenamento pseudo cronológico para as diversas fases metabólicas apresentadas pela célula ao longo do ciclo. A validação desta hipótese é dada pela medida da variação de expressão gênica de ciclinas e ciclases ao longo desse ordenamento.