



**REENCONTROS  
NOVOS ESPAÇOS  
OPORTUNIDADES**

**XXXIV SIC** Salão Iniciação Científica

**26 - 30  
SETEMBRO  
CAMPUS CENTRO**

<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2022: SIC - XXXIV SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2022
<b>Local</b>	Campus Centro - UFRGS
<b>Título</b>	DMTF1 como candidato a regulador mestre no transtorno bipolar: uma análise transcriptômica in silico
<b>Autor</b>	DANIELLY CRUZ DA SILVA
<b>Orientador</b>	ADRIANE RIBEIRO ROSA

**Justificativa:** O transtorno bipolar (TB) é uma doença caracterizada por flutuações no humor, declínio cognitivo e prejuízo funcional. Na ausência de um marcador biológico para a doença, estima-se que o diagnóstico correto de TB ocorra cerca de 7,5 anos após o aparecimento dos sintomas, o que representa uma barreira no tratamento adequado e bom prognóstico desta população. **Objetivo:** Através de uma abordagem baseada em transcriptômica e bioinformática, identificar candidatos a reguladores mestres (RMs) presentes em vias regulatórias da complexidade fenotípica e da evolução do transtorno bipolar. **Metodologia:** Inicialmente, foi realizada a análise de expressão diferencial em sete conjuntos de dados de transcriptômica de microarranjo oriundos de sangue periférico de pacientes com TB nas três fases (mania, depressão e eutimia) e controles saudáveis (n=967). Todos os sete conjuntos de dados foram extraídos do repositório Gene Expression Omnibus (GEO). Genes com assinatura de expressão alterada em mais de 15% ( $p < 0,05$ ) foram considerados diferencialmente expressos (suprimidos ou hiperativados). A rede transcricional foi reconstruída por engenharia reversa com base no método ARACne, possibilitando a inferência de unidades reguladoras de fatores de transcrição associadas com a doença. Por fim, a análise de reguladores mestres foi executada nas unidades reguladoras com mais de 100 alvos, usando o pacote RTN e teste exato de Fisher. **Resultados e discussão:** 61 genes apresentaram-se como reguladores mestres e discriminaram entre casos e controles. A partir do diagrama de Venn, foi possível identificar 50 genes na fase depressiva, 8 na eutimia e 3 na fase maníaca do TB. Destes, o gene que codifica um fator de transcrição presente na regulação do ciclo celular – o DMTF1 (Cyclin-D-binding Myb-like transcription factor 1) – foi o único RM significativamente reprimido nas três fases da doença, podendo ser explorado como alvo de estudos em busca de um biomarcador do transtorno bipolar.