



<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>	Biologia de sistemas para caracterização de diferenças estruturais entre controles e tecido tumoral
<b>Autor</b>	LAURA GALANT SPEGGIORIN
<b>Orientador</b>	MARIANA RECAMONDE MENDOZA GUERREIRO

Biologia de sistemas para caracterização de diferenças estruturais entre controles e tecido tumoral

Laura Galant Speggorin, Dra. Thayne Woycinck Kowalski, Profa. Dra. Mariana Recamonde Mendoza

Instituto de Informática, Universidade Federal do Rio Grande do Sul

O conhecimento molecular acerca do tecido normal adjacente ao tumor (**NAT**), comumente usado como controle em estudos de câncer, ainda é limitado. Entretanto, trabalhos anteriores sugerem que este difere consideravelmente de tecido de indivíduos sem tumor (**ST**). Este trabalho realiza uma análise sistemática em redes de co-expressão para investigar possíveis diferenças estruturais entre **NAT** e **ST**, e entre estes e amostras de tecido tumoral (**TT**). Utilizamos dados de transcriptoma do TCGA e GTEx previamente processados, removendo genes com baixa variância entre grupos. Geramos redes de co-expressão com limiar de correlação de Pearson  $|\rho| > 0.6$  e de p-valor  $p < 0.05$ . Extraímos métricas de centralidade para os genes em cada rede e, usando testes estatísticos não-paramétricos, avaliamos quanto a diferenças estatísticas entre redes e entre conjuntos de genes positivos (POS), associados ao câncer as bases OMIM, GWAS, DisGenet, NCG e PubTator e negativos (NEG), sem associação prévia. Usamos GSEA para análise de enriquecimento funcional dos rankings por métrica. Os resultados indicam diferenças significativas na rede **NAT** em relação às demais: o número de conexões em **NATvsTT** variou entre 3.5% (mama) e 37% (tireóide), e em **NATvsST** entre 9% (tireóide) e 41% (mama), indicando maior correlação entre as expressões de genes em **NAT**. Diferenças nas centralidades foram significativas ( $p < 0.01$ ) tanto entre redes inteiras como nos conjuntos POS e NEG entre redes; ainda, genes POS e NEG em cada rede diferiram significativamente para **TT** e **NAT**. Notou-se certas tendências quanto à quantidade de vias enriquecidas: mais em **TT** para Mama e Pulmão, e mais em **NAT** para Próstata e Tireoide. Podemos concluir que as diferenças estruturais entre as redes de co-expressão **NAT** e **ST**, e entre estas e as redes **TT**, corroboram a existência de diferenças moleculares entre **NAT** e **ST** e caracterizam a influência destas.