



## XXXV SALÃO de INICIAÇÃO CIENTÍFICA

6 a 10 de novembro

<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2023: SIC - XXXV SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2023
<b>Local</b>	Campus Centro - UFRGS
<b>Título</b>	Análise de miRNAs como biomarcadores para câncer de próstata
<b>Autor</b>	LUANA CARNEIRO LOPES
<b>Orientador</b>	EDISON CAPP

O câncer de próstata é a neoplasia mais recorrente nos homens e a quinta principal causa de mortes no mundo. Devido a sua incidência no público masculino e de terceira idade o diagnóstico precoce é necessário. Este pode ser obtido por exames de toque retal, determinação sérica de antígeno (PSA) e biópsia de próstata. Contudo, esses exames são pouco específicos e sensíveis, podendo não diferenciar hiperplasia prostática benigna (HPB) de câncer de próstata (CaP). Um estudo do nosso grupo de pesquisa (PAIVA,2020) analisou miRNAs diferentemente expressos em homens com biópsia positiva para CaP e homens com biópsia negativa, e como resultado foram identificados miRNAs consideravelmente mais expressos em CaP. Portanto, para auxiliar no diagnóstico prévio, juntamente com o PSA, e separar pacientes com CaP de HPB, esta pesquisa estuda as expressões de miRNAs entre pacientes diagnosticados com CaP e HPB (como grupo controle). O objetivo do trabalho é comparar as expressões dos miRNAs no tecido prostático e sangue entre os grupos, avaliando se os miRNAs identificados podem indicar uma especificidade para CaP e HPB. Para isto, foram coletados sangue e tecido prostático de pacientes com CaP e HPB, indicados a realizar prostatectomia ou ressecção transuretral de próstata, no Hospital de Clínicas de Porto Alegre. Um dos fragmentos de tecido é enviado para exame anatomopatológico, para confirmação de CaP ou HPB. Enquanto o sangue e a segunda amostra de tecido são processados em laboratório para serem armazenados a -80°C para extração de RNA. Como a pesquisa está em andamento, ainda não há resultados prévios. O número de coletas foi alcançado, e o próximo passo é iniciar as extrações de RNA. A partir das amostras coletadas, os RNAs extraídos serão transcritos em cDNA. E por fim, os miRNAs alvos, escolhidos a partir de estudo anterior, serão avaliados através de qPCR.