

O aumento da expressão de genes relacionados com o fator de transcrição NFκB, bem como a ativação desse fator, já está bem estabelecido na literatura para diversos tipos de tumor, como os gliomas. Essa ativação de NFκB leva a um aumento da expressão de genes antioxidantes, o que é importante para a sobrevivência das células tumorais. Portanto, nosso objetivo foi avaliar, por ferramentas computacionais, a expressão e a correlação de genes antioxidantes e relacionados ao NFκB em tecido pulmonar (cancerígeno e não cancerígeno) de fumantes, ex-fumantes e não fumantes. Primeiro, os dados de interação gene-gene foram importados da base de dados STRING (<http://string-db.org/>), onde foi gerada uma rede apresentando as interações gene-gene, da qual foram selecionados os grupos (NFκB e antioxidantes) de nosso interesse. Após, foram buscados na base de dados Gene Expression Omnibus (GEO), os dados de expressão desses grupos em tecido pulmonar (cancerígeno e não cancerígeno) de fumantes, ex-fumantes e não fumantes (GSE10072). Pelo uso do software ViaComplex® foi construído um mapa de expressão gênica (dos grupos de interesse) com gradiente de cor. Por fim, foi realizado o teste de Pearson, para testar a correlação entre os genes antioxidantes e de NFκB. Nossos principais achados foram de que há um aumento nos genes antioxidantes e de NFκB em tecido cancerígeno, e isso é agravado pelo fumo. Além disso, foi observada uma forte correlação entre esses grupos de genes. Dessa forma, nosso trabalho demonstra pela primeira vez que os genes de NFκB estão aumentados em câncer de pulmão, e que esse aumento está positivamente correlacionado com genes antioxidantes, o que apresenta um papel crítico na sobrevivência de tumores. Apoio: PNPd SUS/CAPES, CNPq, CAPES e IBNnet.