



Evento	Salão UFRGS 2013: SIC - XXV SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2013
Local	Porto Alegre - RS
Título	Seleção do gene de referência para estudo de expressão gênica em células de cultura primária endometriais hiperandrogênicas e hiperinsulinêmicas
Autor	JULIANA CASTILHOS BEAUVALET
Orientador	EDISON CAPP

A Síndrome dos Ovários Policísticos (SOP) é uma doença endócrina-ginecológica que afeta cerca de 5-10 % das mulheres em idade reprodutiva, caracterizada principalmente por hiperandrogenismo e hiperinsulinemia. A SOP está relacionada à infertilidade feminina principalmente pelo caráter anovulatório, porém muitas pacientes apresentam baixas taxas de gestação mesmo após terem sua ovulação restaurada. Este trabalho é parte do projeto “Efeito da metformina sobre IL-8 e IL-1 β em um modelo de células estromais endometriais hiperinsulinêmicas e hiperandrogênicas *in vitro*”. Para a realização de análise quantitativa da expressão gênica por Reação em Cadeia da Polimerase em Tempo Real a partir de Transcrição Reversa (RT-qPCR) é necessário o uso de controles internos conhecidos como genes normalizadores, os quais são utilizados para a normalização da expressão de genes alvo a fim de compensar a variabilidade associada à técnica. Neste trabalho, padronizamos um modelo de cultura primária em células estromais endometriais hiperinsulinêmicas e hiperandrogênicas, características de SOP, e para avaliarmos os níveis de expressão do RNAm da interleucina-8 (IL-8) e interleucina-1 β (IL-1 β) foi necessário selecionar o gene normalizador que apresentasse maior estabilidade na sua expressão entre os diferentes grupos. Foram realizadas extrações de RNA de um total de 4 culturas com amostras dos 7 diferentes grupos de tratamentos hormonais. A partir do RNA extraído, foi realizada a síntese de DNA complementar (cDNA) por transcrição reversa do conteúdo de RNAm. Buscamos na literatura genes de referência comumente utilizados para tecido ginecológico. Foram analisados os genes β -actina (*ACTB*), β -2-microglobulina (*B2M*), gliceraldeído 3-fosfato desidrogenase (*GAPDH*), hipoxantina fosforibosil-transferase 1 (*HPRT1*) e Proteína de ativação tirosina 3-monooxigenase 5-triptofano, polipeptídeo zeta (*YWHAZ*) como genes candidatos a normalizador por RT-qPCR. Os valores obtidos foram avaliados pelo *NormFinder*, um *software* específico para busca de genes normalizadores. O programa forneceu os valores de estabilidade dos genes analisados demonstrando a melhor combinação de genes, *HPRT1* e *ACTB*, sendo o gene *HPRT1* o mais estável, apresentando menor variação na expressão gênica intra e intergrupos. Diante desses resultados, concluímos que o gene *HPRT1* é o mais indicado como normalizador da análise de expressão gênica em células estromais endometriais hiperinsulinêmicas e hiperandrogênicas de cultivo primário.