

## EXPRESSÃO GÊNICA DIFERENCIAL ENTRE TECIDOS NORMAIS E TUMORAIS

**Elisama Loubak da Silva<sup>1</sup>; Alessandra Valéria de Oliveira<sup>2</sup>**

**RESUMO:** A expressão gênica consiste no processo em que a informação codificada por um determinado gene é decodificada em uma proteína. O perfil de expressão gênica de uma célula determina qual é o seu fenótipo, a sua função no organismo e as suas respostas aos estímulos ambientais. Assim, a análise da expressão gênica pode fornecer informações a respeito dos mecanismos regulatórios, das vias bioquímicas e das funções das células no tecido estudado. Nas células e tecidos com funções normais os genes são expressos de forma regulada, e a falha nesta regulação leva a expressão alterada do gene podendo causar o câncer. Algumas neoplasias que pela análise ao microscópio possuem características comuns, na verdade, possuem etiologias distintas, diferentes respostas à intervenção terapêutica e conseqüentemente diferentes evoluções clínicas. Os perfis de expressão gênica dos tumores quando vinculados a observações clínicas e histopatológicas podem fornecer uma ferramenta para diagnósticos mais precisos. O estudo da expressão dos genes com perfil alterado no câncer tem se mostrado uma grande conquista para a comunidade científica, pois o mesmo tem possibilitado a descoberta de marcadores moleculares para um melhor diagnóstico nos diferentes estágios da doença. A identificação das diferenças de expressão em genes de um tecido tumoral e de um tecido normal pode ser uma ferramenta valiosíssima na compreensão do processo da carcinogênese e no auxílio do desenvolvimento de novas drogas com alvos moleculares específicos. As principais técnicas utilizadas atualmente para a avaliação da expressão gênica em larga escala são baseadas nos microarrays e na técnica de SAGE (*serial analysis of gene expression*). Estas metodologias permitem a comparação entre o perfil de expressão gênica de tumores versus o tecido normal fornecendo dados a respeito das alterações genéticas que influenciam o crescimento e o comportamento tumoral. O objetivo deste trabalho é discutir os avanços nas pesquisas sobre a identificação de genes com expressão alterados em células tumorais em relação à células normais do mesmo tecido, enfatizando a compreensão dos processos biológicos da expressão gênica de tais células. Também será dada ênfase as metodologias utilizadas para a avaliação em larga escala destes genes, citando os principais genes alterados em tumores com viabilidade para ser um marcador no diagnóstico do câncer e abordar as perspectivas no desenvolvimento de tratamentos mais eficazes e menos agressivos para a doença. A metodologia consiste em pesquisa exploratória baseada em revisão bibliográfica o qual as fontes de informação serão livros, sites e periódicos científicos especialistas na área.

**PALAVRAS-CHAVE:** Diagnóstico; Expressão gênica; Marcador molecular; Tumor.

<sup>1</sup> Discente do Curso de Biomedicina. Departamento de Biomedicina do Centro Universitário de Maringá – Cesumar, Maringá – Paraná. [elisama\\_loubak@hotmail.com](mailto:elisama_loubak@hotmail.com)

<sup>2</sup> Docente do Curso de Biomedicina. Departamento de Biomedicina do Centro Universitário de Maringá – Cesumar, Maringá – Paraná. [alessoli@cesumar.br](mailto:alessoli@cesumar.br)