

# **ANÁLISE DE METILAÇÃO E EXPRESSÃO GÊNICA DE *FOXE1* EM MENINGIOMAS (APOIO UNIP)**

**Aluna:** Aline Aparecida Del Vescovo

**Orientadora:** Prof. Dra. Adriana Camargo Ferrasi

**Curso:** Biomedicina

**Campus:** Bauru

Os tumores primários do Sistema Nervoso Central constituem a principal causa de mortalidade por câncer em crianças e a segunda entre adultos. O gene *FOXE1* codifica uma proteína que pertence à família de fatores de transcrição que desempenham papel importante na regulação da expressão de genes envolvidos num amplo espectro de processos biológicos. A metilação da região promotora de genes supressores de tumores e seu consequente silenciamento transcricional tem sido associada à gênese de vários tipos de neoplasias. Este estudo teve como objetivo principal analisar a frequência de metilação do gene *FOXE1* e sua expressão gênica em 16 casos de meningiomas operados no Serviço de Neurocirurgia do Hospital das Clínicas da Faculdade de Medicina de Botucatu – UNESP. A análise da metilação foi realizada pela MSP-PCR (Reação em Cadeia da Polimerase específica para Metilação). A análise da expressão gênica de *FOXE1* foi baseada na quantificação relativa (QR) obtida pela razão entre a expressão de cada amostra tumoral (meningioma) e um *pool* dos tecidos-controle normais (cadáveres). A totalidade (100%) dos casos femininos analisados apresentou aumento da expressão de *FOXE1* e o oposto foi detectado nos casos masculinos, com 83,3% dos casos com redução da expressão de *FOXE1* ( $p=0.0047$ ). Observou-se que os tecidos tumorais dos pacientes mais idosos (>60 anos) apresentaram maior expressão de *FOXE1* do que os pacientes mais jovens ( $p=0.2657$ ). Este achado corrobora o fato de que meningiomas ocorrem em uma frequência maior em indivíduos mais velhos. Observou-se significativa correlação entre metilação e expressão de *FOXE1*. A hipermetilação da região promotora de genes supressores tumorais e os genes

de reparo de erros no DNA constituem importantes alterações epigenéticas envolvidas na perda da regulação de muitas atividades celulares que podem levar à formação e progressão de muitas neoplasias humanas. Este estudo foi um projeto-piloto que apontou dados interessantes a respeito da biologia molecular de meningiomas. Desta forma, consideramos que o aumento da casuística seria de grande importância para a confirmação dos resultados já obtidos.