

ANÁLISE DOS GENES ENVOLVIDOS NO MECANISMO DE RESISTÊNCIA TUMORAL POR *NEXT GENERATION SEQUENCING* (APOIO SANTANDER)

Alunas: Ana Luiza do Carmo Candido e Luana Alcarás da Silva

Orientadora: Profa. Dra. Marina Gobbe Moschetta Pinheiro

Curso: Biomedicina

Campus: São José Rio Preto

O câncer de mama é a neoplasia maligna mais comum e representa a segunda principal causa de morte em todo o mundo. A heterogeneidade intratumoral é caracterizada como a coexistência de clones diferentes de células tumorais dentro de um mesmo tumor, considerada essencial para a evolução clonal tumoral que pode ser induzida pela quimioterapia, resultando na expansão de clones celulares resistentes à fármacos, os quais são considerados a principal causa de recidiva tumoral e falha no tratamento contra o câncer. Nesse contexto, o intuito deste estudo é identificar genes responsáveis pela quimiorresistência à carboplatina pela técnica de Next Generation Sequencing (NGS). Para isso, células das linhagens tumorais mamárias humana MCF-7 e canina CF41 foram cultivadas e expostas à carboplatina, conferindo-lhes resistência. Em seguida, o DNA foi extraído utilizando-se o kit QIAmp Circulating Nucleic Acid (Qiagen®) e quantificado no equipamento Qubit®. As amostras foram enviadas para análise dos genes pela técnica de NGS através da qual foi possível observar que as células do grupo controle possuem um número superior de mutações em relação às células expostas à carboplatina. Dessa forma, torna-se necessário identificar o papel dos genes mutados nas células resistentes, por mais que tais mutações tenham ocorrido, majoritariamente, em regiões intergênicas. A partir dos dados obtidos, concluímos que as células necessitam de mais tempo de exposição à droga para que haja alteração genética. Além disso, destacamos que o ato de reprogramar o metabolismo celular demonstra-se como uma vantagem de sobrevivência perante à resistência ao fármaco.