

Perfil de expressão gênica da via de deacetilação de histonas mediada por Sirtuinas na estratificação prognóstica da Síndrome Mielodisplásica

João Vitor Caetano Goes¹, Luiz Gustavo Carvalho¹, Roberta Taiane Germano de Oliveira¹, Mayara Magna de Lima Melo¹, Mateus de Aguiar Viana¹, Letícia Rodrigues Sampaio¹, Vanessa Silva de Oliveira¹, Ronald Feitosa Pinheiro¹, Howard Lopes Ribeiro Junior²

¹Núcleo de Pesquisa e Desenvolvimento de Medicina (NPDM), Universidade Federal do Ceará (UFC), Fortaleza, CE, Brasil. ²Centro de Pesquisa em Oncologia Molecular, Hospital do Câncer de Barretos, Barretos, SP, Brasil.

Introdução: A relação entre a senescência e o câncer é alvo de estudos, tanto em contexto carcinogênico quanto na supressão tumoral. Considerados importantes marcadores de envelhecimento, as sirtuinas podem auxiliar na medicina preventiva do câncer. Entretanto, estudos com esses marcadores em Síndrome Mielodisplásica ainda são escassos. **Objetivo:** Investigar o papel das sirtuinas (SIRT1, SIRT2, SIRT3, SIRT4, SIRT5, SIRT6 e SIRT7) na patogênese e na evolução prognóstica da Síndrome Mielodisplásica em um estudo do tipo caso-controle retro-prospectivo. **Metodologia:** Foram selecionados 106 pacientes diagnosticados para SMD e 11 indivíduos saudáveis pareados por sexo e idade cujo as amostras de aspirado de medula óssea serão coletadas e armazenadas em freezer -80°. Análises de citogenética por banda G foram realizadas para todos os pacientes e as expressões das sirtuinas serão realizadas por RT-qPCR. Análises in silico de predição de expressão gênica das sirtuinas foram realizadas pelo GEPIA (Gene Expression Profiling Interactive Analysis). Os achados citogenéticos e moleculares serão correlacionados com dados clínico-epidemiológicos e laboratoriais coletados via banco RedCap. **Resultados Preliminares:** Em análise de dados clínico-epidemiológicos, verificou-se que os pacientes são, predominantemente, do sexo feminino (55,26%) com idade média de 69 anos (70,30%). Os pacientes apresentaram, prioritariamente, cariótipo normal (57,89%) enquanto 25% apresentaram alterações citogenéticas, principalmente relacionadas à del(5q) e +7. Em análise de predição in silico, foi identificado que, para LMA, SIRT3, SIRT4, SIRT5 e SIRT7 estavam downregulated, enquanto que a expressão de SIRT1 e SIRT2 estavam upregulated quando comparada aos tecidos normais ($p<0.05$). **Conclusão:** Este é o primeiro estudo que irá relacionar o papel das sirtuinas na patobiologia da SMD. Atualmente, estamos em fase final de recrutamento dos indivíduos de grupo controle e início das análises de expressão gênica. Assim, a partir da análise in silico, espera-se que a expressão das sirtuinas possa representar possíveis novos marcadores de diagnóstico e prognóstico para SMD.

Palavras-chaves: Envelhecimento; Senescência Celular; Síndrome Mielodisplásica; Expressão Gênica; Sirtuinas.

doi: <https://doi.org/10.52600/2763-583X.bjcr.2022.2.Suppl.1.20>