

## **Análise de regiões ultraconservadas transcritas no câncer de mama**

Zambalde, E.P.<sup>1</sup>; Gradia, D.F.<sup>2</sup>; Cavalli, I.<sup>2</sup>; Ribeiro, E.M.S.F.<sup>2</sup>;  
Oliveira, J.C.<sup>2</sup>

### **Abstract/Resumo**

O câncer de mama é a neoplasia mais frequente entre as mulheres, excluindo os tumores de pele não melanoma e compreende um grupo heterogêneo de doenças, resultando em prognósticos e respostas clínicas distintas. Atualmente, os tumores de mama são classificados em cinco grupos, de acordo com o padrão de expressão gênica, sendo eles: Luminal A, Luminal B, Basal e “normal-like” e HER2+. Apesar da classificação, ainda há uma dificuldade na sua utilização na prática clínica. Desta forma, a identificação e validação de novos marcadores moleculares é importante para o melhor prognóstico, assim como para o desenvolvimento de novos tratamentos mais específicos, principalmente nos grupos com poucas alternativas terapêuticas. No genoma humano, foram identificadas 481 regiões ultraconservadas e seus transcritos denominados T-UCR (transcribed ultraconserved regions). Muitos destes transcritos são caracterizados como longos RNAs não codificantes e alterações em seus perfis de expressão têm sido associados à doenças, incluindo alguns tipos de tumores porém, pouco se sabe da influência dessas regiões no câncer de mama. Na busca por entender melhor o papel desses transcritos no desenvolvimento do câncer de mama, o nível de expressão das 481 T-UCRs foram analisadas através dos dados de sequenciamento global de RNA depositadas no banco TCGA (The Cancer Genome Atlas), que contém resultados de perfil de expressão de mais de 2.000 amostras desse tipo tumoral. Através dessa análise foi verificado que a expressão diferencial de 303 (62,99%) das T-UCRs estão associadas com algum parâmetro envolvido no desenvolvimento do câncer de mama. Mais detalhadamente podemos afirmar que a expressão diferencial de 209 (43,45%) dessas regiões estão relacionadas com a classificação dos subtipos moleculares, 172 (35,76%) com a presença de receptor de estrogênio, 158 (32,85%) com receptor de progesterona, 80 (16,63%) com a presença de HER2, 60 (12,47%) com estadiamento, 176 (36,59%) com terapia e 46 (9,56%) com sobrevida. Muitas dessas regiões estão mapeadas em sítios frágeis ou em regiões de alterações citogenéticas frequentes. Estes dados preliminares já indicam o envolvimento de alguns destes transcritos na patogênese do carcinoma mamário, e maiores estudos são necessários para confirmar o efeito biológico e entender os mecanismos de atuação dessas regiões no câncer de mama.

Keyword/Palavras-chave: T-UCRs; Câncer de mama; Bioinformática

---

<sup>1</sup> Universidade Federal do Paraná, Curitiba – PR, [erikazambalde@gmail.com](mailto:erikazambalde@gmail.com)