



## O USO DA BIOINFORMÁTICA PARA IDENTIFICAÇÃO E CLASSIFICAÇÃO DOS GENES ENVOLVIDOS NO MELANOMA E CARCINOMA DE CÉLULAS ESCAMOSAS

Autor(es): Diego Vinícius de Castro Pereira, Eduardo Diniz Amaral, Rafael Moreno Ribeiro do Nascimento, Naide de Moura Santos, Mikael Patrick Santos de Melo, Andre Luíz Sena Guimarães, Cecilia Leite Figueiredo

**Introdução:** Os cânceres cutâneos não melanoma são as neoplasias malignas mais comuns em humanos. O carcinoma basocelular e o carcinoma espinocelular representam cerca de 95% dos cânceres cutâneos não melanoma. O melanoma é a principal doença fatal originada na pele. O melanoma origina-se dos melanócitos, células da pele produtoras de um pigmento denominado melanina, que lhe proporciona proteção contra os danos causados pela radiação ultravioleta (UV). **Objetivo:** Identificar os principais genes envolvidos nos cânceres de pele melanoma e carcinomas de células escamosas (CCE), através de estudos bibliográficos e técnicas de bioinformática. Estes genes formam uma complexa rede de interações. É importante mapeá-los para obter uma visão mais ampla de seus mecanismos e planejar alvos. O mapa de interação entre todos os genes envolvidos no mesmo processo pode ser útil para a interpretação dos resultados experimentais e clínicos e em novos experimentos. **Metodologia:** Foi utilizada como referência artigos científicos, livros, dissertações e teses das bases de dados eletrônicas Pubmed, Scielo, Gene-Bank, GeneAtlas, GeneCards. A identificação dos genes envolvidos ou potencialmente envolvidos que são analisados neste trabalho utiliza como referência a base de dados Pubmed, MeSH (*Medical Subject Headings*), sendo os descritos "*Malignant melanoma and gene expression*" para genes do câncer de pele melanoma e "*Carcinoma Squamous Cell and Gene Expression*" para genes do carcinoma de células escamosas. A nomenclatura oficial utilizada foi a HUGO (*Human Genome Organisation*), sendo considerados apenas os genes humanos. Os artigos pesquisados são referentes aos anos 2000 até 2014. Após a identificação dos genes, as interações entre eles foram mapeadas, e uma pontuação referente à interação foi definida para cada um através do banco de dados STRING (*Search Tool for the Retrieval of Interacting Genes/Proteins*), permitindo assim a classificação destes genes. Foram consideradas apenas as interações com um elevado grau de confiança, acima de 0.9 (valor de confiança em STRING varia entre 0 e 0.99, sendo 0.99 a confiança mais alta). O estudo foi complementado por uma análise topológica com os softwares Cytoscape e FANMOD, enquanto a análise ontológica foi realizada com o software BinGO. **Resultado:** Como resultado provisório, o gene P53 foi identificado como gene líder. **Conclusão:** Os genes identificados poderão ser alvos de experimentos e estudos para um melhor tratamento do câncer de pele melanoma e carcinoma de células escamosas.