

## ALTERAÇÕES TRANSCRIPTÔMICAS NO PULMÃO EM ENVELHECIMENTO E SUA RELAÇÃO COM A CARCINOGENESE PULMONAR

**Introdução:** Durante o envelhecimento, o comprometimento morfofuncional favorece o desenvolvimento de doenças pulmonares crônicas e câncer de pulmão (CP). No Brasil, CP é a neoplasia maligna de maior incidência e mortalidade, entre homens e mulheres, desde 1985. Entretanto, a relação entre o processo de envelhecimento pulmonar e a carcinogênese ainda suscita questionamentos. **Objetivo:** Investigar se a expressão gênica do pulmão em envelhecimento relaciona-se àquela do CP de subtipo mais prevalente. **Métodos:** O transcriptoma do Câncer Pulmonar de Células Não Pequenas (CPCNP), obtido do *The Cancer Genome Atlas* (TCGA), foi comparado com o transcriptoma do tecido pulmonar não neoplásico em envelhecimento, dados do *Genotype-Tissue Expression* (GTEx). Comparamos os genes diferencialmente expressos (GDEs) do CPCNP com os GDEs ao longo do envelhecimento, tomando como grupo controle a faixa etária de 20 a 29 anos. Consideramos o valor de  $p\text{-adj} < 0,05$  e  $Fold\ Change > 2$ . *EnrichR* foi utilizado para identificação das funções biológicas enriquecidas. **Resultados:** Observamos interseção de 343 GDEs entre esses grupos. Identificamos 127 genes regulados positivamente no CPCNP e negativamente no envelhecimento, relacionados à via de regulação positiva da mitose; e 21 genes regulados positivamente no CPCNP e envelhecimento, à via de reparo de DNA. Serão realizadas análises de redes interativas a fim de descobrir GDEs com os maiores índices de centralidade. Acreditamos que isso contribua significativamente para o entendimento da biologia da carcinogênese pulmonar e na identificação de novos biomarcadores e de alvos terapêuticos no CPCNP.

Os autores declaram não haver qualquer conflito de interesse neste estudo.