**ANÁLISE DA EXPRESSÃO DO GENE *SMYD2* EM PACIENTES COM LESÕES NA CAVIDADE ORAL NO MUNICÍPIO DE JATAÍ/GO**

LEANDRO HIRATA MENDES¹\*; GABRIELLA LEITE SAMPAIO¹; MARIANA NEVES TAVARES¹; GIULIANA MOURA MARCHESE¹; LEANDRA DE JESUS SONEGO¹; RONALDO ROGÉRIO PÉRES JÚNIOR¹; ALINE MONEZI MONTEL2; EDISMAIR GARCIA2; CARLA SILVA SIQUEIRA3; FÁBIO MORATO DE OLIVEIRA3

1Discente do Curso de Medicina, Regional Jataí/UFG;

2Técnico de Laboratório/Curso de Medicina, Regional Jataí/UFG

3Docente do Curso de Medicina, Regional Jataí/UFG;

**Introdução e objetivos:** O gene *SMYD2* está associado à metilação, por meio da codificação de uma metiltransferase, e consequente diminuição da função do gene *TP53*, um importante gene supressor de tumor (Huang *et al.* 2006). Em síntese, o *SMYD2* ajuda a manter baixas as concentrações de *TP53* associados ao promotor, podendo atuar como um oncogene. Diversos estudos já mostraram a correlação entre o silenciamento de tal gene e a diminuição da proliferação celular em neoplasias (Sakamoto, 2014). Baseando-se em tais funções, objetiva-se o entendimento e a correlação da expressão do gene *SMYD2* relacionando-a com as alterações histológicas em pacientes com lesões estomatológicas, sejam elas de origens traumáticas, inflamatórias, de tecidos benignos e malignos. **Material e métodos:** Para a avaliação do gene *SMYD2*, o projeto de pesquisa contou com 36 amostras de biópsias da cavidade oral realizadas pelo *Ambulatório de Diagnóstico Estomatológico do Sudoeste Goiano* (ADESGO) no município de Jataí/GO. Histologicamente, as amostras foram classificadas em 4 grupos: Tecido benigno (10), Lesão traumática (11), Lesão inflamatória (07), e tecido maligno (08). Para fins de avaliação do nível de expressão do gene *SMYD2* foi utilizado o RNAm total obtido por meio da extração utilizando-se o reagente Trizol, conforme protocolo estabelecido. Os níveis de expressão foram relacionados ao gene constitutivo *GAPDH*. **Resultados:** A análise dos níveis de expressão do gene *SMYD2* evidenciou diferenças significativas entre os 4 grupos histológicos distintos (p<0,0001). Os grupos histológicos mostraram níveis crescentes de expressão do gene na ordem de tecido benigno, lesão traumática, lesão inflamatória e tecido maligno, sendo este último o que apresentou maior expressão. **Conclusões:** Através de tal análise, nota-se um dano crescente ao genoma levando-se em consideração a complexidade tecidual. Até o presente momento, sugere-se que tal gene pode ser utilizado como biomarcador de instabilidade genômica com o intuito de acompanhar o desenvolvimento de lesões e distúrbios proliferativos e de diferenciação celular em cavidade oral.

**Tipo de trabalho:** Original

**Palavras-chave:** Lesões orais; Expressão Gênica; Neoplasias

**N° de Protocolo de CEP ou CEUA:** 69791717.0.0000.5083

**Fonte Financiadora:** FINANCIAMENTO PRÓPRIO