

Lucca D'Arco Corrêa 1,2, Bárbara dos Santos Dias 1, Leticia Torres Ferreira 1, Larissa Figueiredo Alves Diniz 1, Denise da Cunha Pasqualin 1, Rafael Pereira de Souza 3, Rafael de Cicco 3, Patricia Severino 1

1 Hospital Israelita Albert Einstein, 2 Universidade Estadual Paulista Julio de Mesquita Filho, 3 Instituto do Câncer Doutor Arnaldo Vieira de Carvalho

Introdução: O câncer de cabeça e pescoço é classificado como o sétimo tipo de câncer mais comum no mundo. A sobrevida estimada para esse tipo de câncer é de 50%. Isto é devido à demora no diagnóstico e início do tratamento, devido à falta de marcadores específicos para este tipo tumoral. MicroRNAs (miRNAs) são pequenas moléculas de RNA não codificantes que se ligam por complementariedade de bases a RNA mensageiros (mRNA) alvo, causando silenciamento gênico. MiRNAs são estudados como potenciais biomarcadores por apresentarem expressão desregulada em tecidos tumorais. **Objetivo:** Avaliar miRNA e mRNA em tecido tumoral visando sugerir mecanismos de regulação gênica relevantes no desenvolvimento do tumor e investigar miRNAs como marcadores da presença do tumor. **Metodologia:** RNA total, incluindo miRNAs, foi extraído de tecidos tumorais e livres de tumor conservados em parafina com o ensaio Allprep DNA/RNA FFPE (Qiagen). A tecnologia de hibridização de código de barras molecular (nCounter Nanostring) foi utilizada para a detecção de miRNA e mRNA com o painel nCounter Human V3 miRNA e PanCancer Pathways, respectivamente. O processamento dos dados e análises estatísticas foram realizados com o software nSolver 4.0 (Nanostring). Para a predição da interação entre miRNAs e seus possíveis mRNAs alvos foi utilizada a ferramenta miRWALK 2.0 e dados disponíveis na literatura. **Resultados:** Através da análise da expressão gênica e predição da interação de miRNA-mRNA foram identificados miRNAs e seus respectivos mRNAs-alvo diferencialmente expressos. Dentre os genes com expressão alterada relevantes para o desenvolvimento e progressão do câncer destacam-se genes envolvidos na regulação do ciclo celular (PIK3R1 e CDKN1C), e genes especificamente descritos na literatura como associados ao desenvolvimento tumoral e proliferação em CECP (MCM2, CDC6, CDNA2 e PKMYT1) com expressão elevada, e miRNAs preditos como reguladores destes genes menos expressos no tecido tumoral. **Conclusão:** As interações entre miRNAs e mRNAs avaliadas neste estudo corroboram com achados da literatura e contribuem para o conhecimento acerca de mecanismos relacionados com a progressão deste tipo tumoral.

