

Trabalho apresentado no 24º CBCENF

Título: DESREGULAÇÕES EPIGENÉTICAS ASSOCIADAS A CÉLULAS CANCERÍGENAS

Relatoria: Stefany da Silva Doroteu
Tereza Emanuella Menezes Santos
Tainah Lopes de Oliveira

Autores: Luis Fernando Almeida de Araújo
Francisca Nellie de Paula Melo
Alessandro Aparecido Rodrigues da Silva

Modalidade: Comunicação coordenada

Área: Inovação das práticas de cuidado

Tipo: Pesquisa

Resumo:

Introdução: Estudos demonstram que fenômenos mutacionais em regiões gênicas responsáveis pelo ciclo celular e reparo aos danos de DNA estão intimamente relacionados a formação do câncer. Além disso, as alterações epigenéticas contribuem, significativamente, para o surgimento de neoplasias. Objetivo: Correlacionar os efeitos de fatores epigenéticos (modificações de histonas, metilação de DNA e microRNA) que podem levar ao desenvolvimento de células cancerígenas. Metodologia: Análise de estudos envolvidos com o tema em questão. As bases de dados utilizadas foram Scientific Electronic Library Online (Scielo) e ScienceDirect, com os descritores "epigenetics", "câncer" e "methylation". Resultados e Discussão: Hipometilação e hipermetilação causam a expressão ou inibição de genes, e há um equilíbrio estreito entre regular a ativação ou repressão de genes na atividade celular normal. A metilação anormal é uma marca bem conhecida do desenvolvimento e progressão do câncer e pode transformar células-tronco normais em células-tronco cancerígenas. Mudanças generalizadas nos padrões de metilação do DNA e modificações da cromatina são características-chave da reprogramação epigenética na transformação maligna e diferenciação de células-tronco. Alterações transcricionais relacionadas à metilação do DNA em células cancerígenas são frequentemente consistentes com o aumento da densidade de metilação, mas não está claro se a densidade em si ou se espalhando para regiões específicas está correlacionada ao silenciamento do gene. O mecanismo para a alteração epigenética pode não ser necessariamente específico da metilação do DNA, mas pode ser uma perda da integridade estrutural da eucromatina nos locais de início da transcrição (TSS), que se reflete nas alterações da metilação. Conclusão: Os resultados obtidos demonstraram que alterações na metilação do DNA, assim como a metilação anormal em locais específicos do genoma estão relacionados com o surgimento do câncer, evidenciando a necessidade de se compreender aspectos epigenéticos, que podem auxiliar a realização de diagnósticos precoces e tratamentos potencialmente eficazes.