

ALVOS CONSERVADOS E POTENCIAIS FÁRMACOS PARA REVERSÃO DE ASSINATURA GÊNICA EM OSTEOSSARCOMA HUMANO E CANINO: ANÁLISE IN SILICO

VI Congresso Nacional Online de Clínica Médica, 6ª edição, de 24/08/2026 a 25/08/2026

ISBN dos Anais: 978-65-5465-178-3

TAKETA; Suzana Mello Taketa ¹, AMORIM; Sofia Laufer Amorim², BRASILEIRO; Felipe César da Silva³, TENG; Fwu Shing Teng ⁴, ALVES; Carlos Eduardo Fonseca Alves⁵, AMORIM; Renée Laufer Amorim⁶

RESUMO

O osteossarcoma (OSA) é uma neoplasia óssea primária agressiva e altamente metastática que acomete humanos e cães, apresentando importantes similaridades clínicas, histopatológicas e moleculares entre as espécies. O cão é considerado um bom modelo em oncologia comparada e translacional no estudo do OSA. Apesar dos avanços terapêuticos, o prognóstico permanece reservado, especialmente em casos metastáticos. Nesse contexto, abordagens transcriptômicas e ferramentas de bioinformática translacional têm possibilitado a identificação de biomarcadores e a predição de terapias-alvo em oncologia comparada. Investigar, por meio de abordagem *in silico*, assinaturas transcriptômicas compartilhadas entre osteossarcomas humanos e caninos, visando identificar genes conservados, vias biológicas relevantes e potenciais fármacos capazes de reverter a assinatura tumoral. Foi realizado um estudo observacional retrospectivo *in silico* utilizando dados públicos de RNA-seq obtidos em repositórios transcriptômicos. As amostras incluíram osteossarcomas humanos (n=23) e caninos (n=11) e respectivos tecidos ósseos normais controles. Após padronização do processamento bioinformático, foram identificados genes diferencialmente expressos (DEGs) em cada espécie. Em seguida, foi conduzida análise comparativa interespecie para identificação de genes conservados, enriquecimento funcional de processos biológicos, construção de redes gênicas e priorização de hub genes, utilizando ferramentas como GEO, STRING e KEGG. As análises foram realizadas utilizando o programa R (V4.3.1). Ferramentas de conectividade transcriptômica (Cytoscape) e bancos de assinaturas farmacológicas (LINCS L1000) foram empregados para predição de compostos com potencial de reversão da assinatura tumoral. A análise identificou um conjunto de genes diferencialmente expressos compartilhados entre humanos e cães, relacionados principalmente à ciclo celular, via de sinalização do p53, replicação do DNA. A construção de redes gênicas permitiu a identificação de genes centrais *upregulated*, com potenciais alvos terapêuticos (*CDC20*, *CCNA2* e *BUB1B*). A análise de conectividade transcriptômica sugeriu compostos sintéticos e naturais com potencial terapêutico para reversão da assinatura gênica do OSA, incluindo fármacos previamente associados à modulação de vias proliferativa, como

¹ Centro Universitário São Camilo, suzanataketa@hotmail.com

² Centro Universitário São Camilo, sofialauferamorim@gmail.com

³ Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia UNESP Botucatu, felipe.brasileiro@unesp.br

⁴ Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia UNESP Botucatu, teng.fwu@unesp.br

⁵ Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia UNESP Botucatu, carlos.e.alves@unesp.br

⁶ Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia UNESP Botucatu, renee.faufer-amorim@unesp.br

Palbociclib, mitoxantrona e vorinostat. Os achados reforçam a conservação molecular do osteossarcoma entre as espécies e sustentam o uso do cão como modelo translacional em oncologia comparada. A integração de análises transcriptômicas comparativas permitiu identificar genes conservados e potenciais alvos terapêuticos no osteossarcoma humano e canino. Os resultados demonstram o potencial da bioinformática aplicada para priorização de biomarcadores e estratégias terapêuticas inovadoras e o uso do cão como um modelo natural de testes clínicos, que reduzem o tempo de aprovação de fármacos na medicina humana. Apoio financeiro: Fapesp (2025/10390-8), CNPq (140795/2022-7). Comitê de ética: aprovado número 320/2025.

PALAVRAS-CHAVE: Osteossarcoma, Oncologia Comparada, Transcriptoma, Bioinformática, Reposicionamento de Fármacos

¹ Centro Universitário São Camilo , suzanataketa@hotmail.com

² Centro Universitário São Camilo , sofialauferamorim@gmail.com

³ Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia UNESP Botucatu , felipe.brasileiro@unesp.br

⁴ Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia UNESP Botucatu , teng.fwu@unesp.br

⁵ Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia UNESP Botucatu , carlos.e.alves@unesp.br

⁶ Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia UNESP Botucatu , renee.faufer-amorim@unesp.br