

EXPRESSÃO DE GENES DA VIA METABÓLICA (MTOR E SLC2A1) NO CARCINOMA RENAL DE CÉLULAS CLARAS: ANÁLISE DE DADOS DO TCGA E ASSOCIAÇÃO COM DESFECHO CLÍNICO

Furco JB¹, Viana NI²

¹Acadêmico do curso de Medicina da Universidade do Estado de Minas Gerais

²Doutora em Ciências e Docente da Universidade do Estado de Minas Gerais

jose.241214418@discente.uemg.br

Introdução: O Carcinoma Renal de Células Claras (KIRC) é o subtipo mais prevalente de câncer renal, representando cerca de 80% dos casos de câncer nos rins. A via metabólica dos tumores consiste em alterações nas células tumorais que corroboram com seu crescimento acelerado, de forma que a expressão de genes moduladores desta via, como o MTOR, que sustenta o crescimento tumoral e a angiogênese, e o SLC2A1, que facilita a captação de glicose pelas células tumorais, podem atuar como marcadores de pior prognóstico nos pacientes acometidos pelo tumor. **Objetivo:** Analisar o padrão de expressão dos genes MTOR e SLC2A1 em tecidos hepáticos normais e tumorais, com base em dados do The Cancer Genome Atlas (TCGA), e investigar sua correlação com a sobrevida global dos pacientes com KIRC. **Metodologia:** Dados de expressão gênica foram extraídos da base TCGA por meio da plataforma UALCAN, permitindo comparação entre 72 amostras de tecido renal normal e 533 amostras tumorais. A sobrevida global foi avaliada por curvas de Kaplan-Meier utilizando a ferramenta GEPIA2, com teste log-rank e nível de significância de $p < 0,05$. **Resultados:** Verificou-se subexpressão do gene MTOR e superexpressão do gene SLC2A1 nos tecidos tumorais em comparação aos tecidos normais. A menor expressão de MTOR associou-se a pior sobrevida global, enquanto a maior expressão de SLC2A1 correlacionou-se com desfechos desfavoráveis. Ambos apresentaram significância estatística. Outros genes analisados não demonstraram associação significativa com a sobrevida. **Conclusão:** Os dados apontam que, apesar da ativação de MTOR ser um componente importante para o crescimento tumoral por meio da via metabólica, o gene encontra-se subexpresso no KIRC, de modo que sua baixa expressão está relacionada, contra intuitivamente, com pior prognóstico. Em contrapartida, o gene SLC2A1 encontra-se superexpresso neste tipo de câncer, de modo que sua alta expressão está também associada a menor taxa de sobrevida dos pacientes. Tais resultados demonstram a complexidade da via metabólica na regulação do crescimento tumoral. Por fim, é necessário ressaltar a importância de estudos adicionais com validação experimental e análise dos fatores genéticos envolvidos no KIRC, de modo a, também,

avaliar o potencial clínico do MTOR e do SLC2A1 como marcadores prognósticos ou terapêuticos.

Palavras-chave: Carcinoma renal de células claras; metabolismo tumoral; expressão gênica; prognóstico

Referências Bibliográficas:

1. Wang Y, Wang K, Zhang H, Jia X, Li X, Sun S and Sun D (2023), Cell death-related biomarker SLC2A1 has a significant role in prognosis prediction and immunotherapy efficacy evaluation in pan-cancer. *Front. Genet.* 13:1068462. doi: 10.3389/fgene.2022.1068462.
2. Pezzicoli, G.; Ciciriello, F.; Musci, V.; Salonne, F.; Ragno, A.; Rizzo, M. Genomic Profiling and Molecular Characterization of Clear Cell Renal Cell Carcinoma. *Curr. Oncol.* 2023, 30, 9276–9290. <https://doi.org/10.3390/curroncol30100670>
3. Hashmi MF, Limaïem F. Câncer de células renais claras. [Atualizado em 1 de janeiro de 2023]. Em: StatPearls [Internet]. Treasure Island (FL): StatPearls Publishing; janeiro de 2026. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK563230/>
4. Tufail, M., Jiang, CH. & Li, N. Altered metabolism in cancer: insights into energy pathways and therapeutic targets. *Mol Cancer* **23**, 203 (2024). <https://doi.org/10.1186/s12943-024-02119-3>