

ANÁLISES IN SILICO PARA PROSPECÇÃO DE MIRNAS E CIRCARNAS COMO POTENCIAIS BIOMARCADORES E/OU ALVOS TERAPÊUTICOS NO CONTEXTO CLÍNICO DA ALOPECIA ANDROGENÉTICA

GUEDES, CAMILLE LEVANDOSKI¹; VIEIRA, Igor Araujo²;

Fundamentação/Introdução: A alopecia androgenética (AAG) é caracterizada pela perda progressiva de cabelo no couro cabeludo, sendo uma condição geneticamente predeterminada devido às respostas excessivas aos hormônios andrógenos. Em particular, a compreensão acerca de biomarcadores circulantes ou de detecção em outros fluidos corporais ainda é bastante limitada na AAG; em paralelo, sabe-se que os microRNAs (miRNAs) e, mais recentemente, os RNAs circulares (circRNAs), consistem em RNAs não codificantes (ncRNAs) que modulam a expressão de múltiplos genes e tem sido reportados como biomarcadores mais estáveis em diversas doenças.

Objetivos: Considerando a escassez de estudos sobre ncRNAs na AAG, o presente trabalho buscou identificar miRNAs e circRNAs mais promissores como potenciais biomarcadores e/ou alvos terapêuticos no contexto desta condição clínica.

Delineamento e Métodos: Trata-se de um estudo quantitativo (quanto ao conjunto de genes e ncRNAs analisados) baseado em dados prévios validados experimentalmente, os quais foram consultados a partir de bancos de dados públicos. Os genes associados com risco aumentado para AAG foram selecionados a partir da literatura (PubMed). Para as análises de bioinformática envolvendo a regulação dos genes selecionados na etapa anterior pelos ncRNAs, foram utilizadas 3 ferramentas: TarBase v9.0, MirTarBase Release 9.0 beta e circRNADisease v2.0; além do software InteractiVenn v.2025 para analisar a sobreposição dos dados.

Resultados: Dentre os principais resultados, destaca-se (1) a seleção dos genes associados com risco aumentado para AAG (SDR5A1, SDR5A2, ABCC4, FSHB, CYP19A, CYP11B2 e PPARGC1A); (2) a identificação de 7 miRNAs (hsa-let-7b-5p, hsa-let-7c-5p, hsa-miR-92a-3p, hsa-miR-98-5p, hsa-miR-25-3p, hsa-miR26b-5p e hsa-miR-27a-3p) sobrepostos na regulação da expressão de um maior número de genes de interesse; (3) a identificação de 4 circRNAs específicos (circ_0001079, circ_0002980, circ_0008922 e circ_0000527) mais promissores como potenciais biomarcadores da AAG, os quais foram encontrados com base em 2 tipos de buscas realizadas: (i) busca pelos circRNAs que atuam como moduladores dos miRNAs obtidos na etapa anterior; e (ii) busca por circRNAs previamente descritos como desregulados em amostras biológicas derivadas de pacientes afetados.

Conclusões/Considerações Finais: Tais achados in silico sugerem 7 miRNAs e 4 circRNAs específicos como candidatos mais promissores a serem validados como biomarcadores e/ou alvos terapêuticos implicados nesta condição.

Palavras-chave: Alopecia Androgenética; bioinformática; Biomarcadores; circRNAs; RNAs não codificantes; Tricologia;

1 Universidade do Vale do Rio dos Sinos - Unisinos - São Leopoldo - RS - Brasil

2 Universidade Federal do Rio Grande do Sul - Porto Alegre - RS - Brasil