SIGLA DA EQUIPE: CFGJM

MEMBROS DO SUBGRUPO:

Nome	RA	Especialização
Gabriela Morales Soto	299213	Computação
Marcel Teuber	298838	Computação
Micheli Canuto de Lima	295866	Biologia

RESUMO: Análise de Redes Complexas na Expressão Gênica para Câncer de Próstata

O artigo de Chitluri e Arnold (2025) apresenta uma abordagem integrada de redes complexas para identificar alvos terapêuticos no câncer de próstata mediante análise de expressão gênica. Os autores combinaram dados genômicos de seguenciamento completo (WGS) com perfis transcriptômicos do TCGA-PRAD, identificando 357 genes que apresentavam tanto mutações deletérias quanto expressão diferencial. O estudo construiu uma rede de interação proteína-proteína (PPI) utilizando a base de dados STRING com limiar de interação > 0,4, resultando em um grafo de 239 nós e 575 arestas. Cada nó representa uma proteína e cada aresta indica uma interação funcional.Para identificar genes hub críticos, aplicaram quatro algoritmos topológicos complementares: Maximum Clique Centrality (MCC), Grau de conectividade, Centralidade de proximidade, Centralidade de intermediação sobre o mesmo grafo. Os autores ranquearam os top 50 genes segundo cada métrica e selecionaram 22 genes hub que apareciam consistentemente nos quatro rankings considerados como os hubs verdadeiros. Esta estratégia de validação por consenso múltiplo assegura que os genes identificados sejam verdadeiramente centrais na rede, respaldando a robustez dos achados ao eliminar falsos positivos que poderiam surgir de uma única métrica.



Figure 1

Modelo de rede de interação proteína-proteína (PPI).

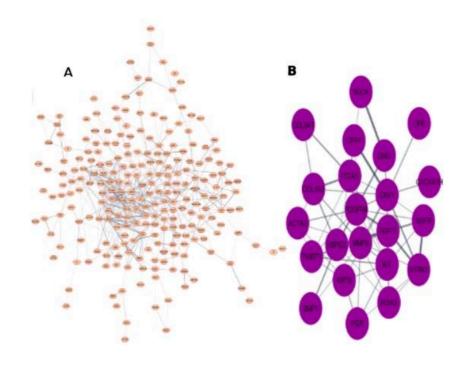


Figure 2
(A) Interação proteína-proteína de 357 genes comuns.(B) 22 genes centrais hubs.

Referência:

Chitluri, K. K., & Arnold, E. I. (2025). Integrative genomic analysis identifies DPP4 inhibition as a modulator of FGF17 and PDGFRA downregulation and PI3K/Akt pathway suppression leading to apoptosis. *Frontiers in Pharmacology*, 16, 1606914. https://doi.org/10.3389/fphar.2025.1606914