

2] Classificar funcionalmente os genes anotados e validados no tecido Normal e Tumoral, usando o programa GSEA (Gene Set Enrichment Analysis). Em seguida, faça uma análise crítica dos resultados e informe a categoria funcional do conjunto de genes analisados. Dê preferência ao grupo de genes que estiverem relacionados com câncer.

Genes normal

DOCK9

MYL6

FLNA

KRT6A

TTLL3

RAB14

PPAP2A

MAP1B

TMSB4X

EPC1

NUMA1

MYH11

Genes normal

Citoesqueleto = Qualquer um dos vários elementos filamentosos que formam a estrutura interna de células, e geralmente permanecem após o tratamento das células com um detergente suave para remover constituintes da membrana e os componentes solúveis do citoplasma. O termo abrange filamentos intermédios, microfilamentos, microtúbulos, a estrutura microtrabecular, e outras estruturas caracterizadas por uma natureza polimérica filamentosa e ordem de longo alcance dentro da célula. Os vários elementos do citoesqueleto não só servir para a manutenção da forma celular, mas também têm um papel em outras funções celulares, incluindo o movimento celular, divisão celular, a endocitose, e o movimento de organelos.

**Genes ORGANELAS** Qualquer componente de uma organela, uma estrutura organizada de morfologia e função distinta. Inclui partes que constituem o núcleo, mitocôndria, plastídios, vacúolos, vesículas, ribossomas e do citoesqueleto, mas exclui a membrana plasmática.

**Genes Tumorais**

TPT1

ATP5SL

SATB1

POC5

CCNL2

ZXDC

BSCL2

PFN1

AMACR

GAPDH

MRFAP1

FOXA1

ATP11B

PABPC1

PPP2R2A

**Genes HOUSEKEEPING\_GENES** = Housekeeping identificado como expressou em 19 tecidos normais.

**GGGAGGRR** = Genes com regiões promotoras [-2kb, 2kb] em torno do local de início da transcrição contendo o GGGAGGRR motivo que corresponde a anotação para MAZ: MYC-associado proteína dedo de zinco (fator de transcrição de ligação purina)

