

4- Confirme a expressão dos genes candidatos nos programas [SAGE Genie](#) e/ou [Gene Expression Atlas](#). Descreva sucintamente o resultado desta análise justificando o gene escolhido para validação.

- Inserindo os genes no SAGE e verifica-se que 5 deles estavam descritos na literatura, sendo eles : CCNL2, BSCL2, MRFAP1, ARF4, PABPC1.
- hiper-expresso = CCNL2.

CCNL2 = Este gene possui a função de inibição da proliferação e diferenciação e promoção de apoptose, o que é fator importante no crescimento do tumor.