

Gene Set: HSIAO_HOUSEKEEPING_GENES

Genes Housekeeping identificado como expresso em 19 tecidos normais.

Este estudo cria um compêndio de expressão gênica em tecidos humanos normais adequados como uma referência para a definição de sistemas de órgãos básicos de biologia. Usando microarrays de oligonucleotídeos, analisamos 59 amostras representativas de 19 tipos de tecidos diferentes. De cerca de 7000 genes analisados, 451 genes são expressos em todos os tipos de tecido e designado como genes housekeeping. Estes genes exibiram a variação significativa nos níveis de expressão entre os tecidos e são suficientes para discernir assinaturas de expressão tecido-específicas, indicativas de diferenças fundamentais em processos bioquímicos. Além disso, subconjuntos de genes de tecido-seletivos são identificados, que definem os processos biológicos fundamentais que caracterizam cada órgão.

Gene Set: MCBRYAN_PUBERTAL_BREAST_6_7WK_UP

Genes regulada durante o desenvolvimento da glândula mamária puberal entre a semana de 6

Análise da expressão microarray identificou mais de 930 genes regulados durante a puberdade na glândula **mamária**. Os mais proeminente eram genes cuja expressão aumentada em paralelo com o desenvolvimento puberal e manteve-se elevada em seguida. Os membros do Wnt , fator transformador de crescimento -beta e sinalizadoras **de estrogênio foram** representados de forma significativa. Incluído neste subconjunto são stanniocalcin2 (**STC2**) e **amphiregulin (Areg)** . Em um conjunto de dados de câncer de mama humano , expressão de STC2 , Areg e CITED1 paralelo que de ERalfa . Semelhante ao ERalfa , expressão CITED1 correlaciona-se com bom resultado no câncer de mama , o que implica que a manutenção potencial da co- regulados via de sinalização ERalfa - CITED1 em tumores de mama pode indicar bom prognóstico.

Gene Set: WEST_ADRENOCORTICAL_TUMOR_DN

Genes regulados negativamente em tumores adrenocorticais pediátricos (ACT) em comparação com o tecido normal.

Tumores adrenocorticais pediátricos (ACT) são neoplasias raras e muitas vezes fatais , pouco se sabe a respeito de sua etiologia e biologia. Para fornecer esclarecimentos adicionais sobre a natureza da ACT , determinou-se o perfil dos 24 tumores pediátricos (cinco adenomas , 18 carcinomas e um indeterminado) e sete glândulas supra-renais normais de expressão gênica . Padrões distintos de expressão gênica , validados pela quantitativa PCR em tempo real e análise de Western blot , foram identificados que distinguir córtex adrenal normal a partir do tumor. Também foram identificadas diferenças na expressão genética entre os adenomas e carcinomas adrenocorticais Nossos resultados lançam as bases para o estabelecimento de

perfis de expressão gênica que podem auxiliar no diagnóstico e prognóstico da ACT pediátrica, e na identificação de vias de sinalização que contribuem para esta doença.

Gene Set: MARTENS_TRETINOIN_RESPONSE_DN

Os genes regulados negativamente em células NB4 (leucemia promielocítica aguda, APL), em resposta à tretinoína [PubChem = 444795], com base em dados Chip-seq.

Muitos mecanismos moleculares diferentes têm sido associados com transformação PML-RARalfa-dependente de células progenitoras hematopoiéticas. Aqui, identificamos locais em uma leucemia promielocítica aguda (APL) linha celular e em duas explosões primários APL ligação de alta confiança PML-RARalfa. Encontramos co-localização de PML-RARalfa com RXR para a grande maioria dessas regiões de ligação. Estudos epigenéticos Genome-wide revelou que o tratamento com doses farmacológicas de all-trans ácido retinóico induz mudanças na H3 acetilação, mas não H3K27me3, H3K9me3 ou metilação do DNA nos sítios de ligação PML-RARalpha/RXR ou em genes alvo próximas. Os nossos resultados sugerem que as funções PML-RARalpha/RXR como um modulador da cromatina local e que o recrutamento específico da atividade da histona deacetilase para genes importantes para a diferenciação hematopoiética, sinalização RAR, e controle epigenético é crucial para o seu potencial de transformação.