



## **ESTUDO DA GENÉTICA DO CÂNCER DE MAMA E DE PELE UTILIZANDO FERRAMENTAS DE BIOINFORMÁTICA.**

**Camylle Monteiro Silva <sup>1</sup>**

**Marcos Antonio Nobrega de Sousa <sup>2</sup>**

### **RESUMO**

De acordo com a Organização Mundial de Saúde, o número de casos por câncer de mama no mundo, foram de 2.261.419, no ano de 2020. Este tipo de câncer tem sido o de maior ocorrência não só esse ano, mas assim como nos últimos 5 anos teve um número estimado de 7.790.717 casos. No Brasil, também tem uma grande incidência, do câncer de pele. Ele é um dos mais frequentes, de acordo com o Instituto Nacional de Câncer, pois corresponde a 30% de todos os tumores malignos registrados no país. Dos vários genes envolvidos no desenvolvimento do câncer de mama por fatores genéticos e hereditários, as alterações nos genes, Breast Cancer Gene, BRCA1 e BRCA2 recebem uma grande atenção, devido ao aumento do risco de se desenvolver a doença. Para o câncer de pele, um dos genes mais relacionados aos casos, é o BRAF, que codifica uma proteína chamada B-RAF, envolvida no crescimento e divisão celular. Para observar e analisar filogeneticamente esses genes, relacionados ao câncer de mama e pele, o presente trabalho realizou uma pesquisa através de ferramentas de bioinformática, para gerar árvores filogenéticas para os genes BRCA1 e BRCA2, com um grupo de espécies de mamíferos, e assim compará-las. E pro gene BRAF gerar essas árvores, agrupando espécies da ordem dos primatas. As sequências foram adquiridas no NCBI Ortólogos, foi realizado o alinhamento múltiplo das sequências e foram geradas as árvores específicas de cada análise, com cinco métodos evolutivos diferentes: Máxima verossimilhança (MV), Neighbor Joining (NJ), Método de Evolução Mínima (EM), UPGMA e a Máxima Parcimônia (MP). Para a avaliação da melhor árvore foi utilizado o bootstrap, no BRCA1 as melhores árvores foram obtidas com MP e UPGMA, para o gene BRCA2 e o BRAF foi com MP. Assim como, foi notada a alta taxa de conservação destas sequências entre as espécies analisadas e a importância da utilização de bancos de dados biológicos em análises de bioinformática.

**Palavras-chave:** Câncer de mama, Câncer de pele, Bioinformática.

---

<sup>1</sup> Graduanda do Curso de Licenciatura em Ciências Biológicas da Universidade Federal de Campina Grande do Centro de Saúde e Tecnologia Rural. E-mail: camyllemonteiro13@gmail.com

<sup>2</sup> Graduado em Ciências Biológicas pela Universidade Federal da Paraíba, UFPB, Brasil. Doutorado em Ciências Biológicas (Biologia Genética). Professor Associado da UACB/CSTR/UFPA. E-mail: marcosandesousa@gmail.com.



## **STUDY OF THE GENETICS OF BREAST AND SKIN CANCER USING BIOINFORMATICS TOOLS.**

### **ABSTRACT**

According to the World Health Organization, the number of cases of breast cancer in the world was 2,261,419 in the year 2020. This type of cancer has been the most frequent not only this year, but also in last 5 years had an estimated 7,790,717 cases. In Brazil, there is also a high incidence of skin cancer. It is one of the most frequent, according to the National Cancer Institute, as it corresponds to 30% of all malignant tumors registered in the country. Of the several genes involved in the development of breast cancer due to genetic and hereditary factors, alterations in the genes, Breast Cancer Gene, BRCA1 and BRCA2 receive a great deal of attention, due to the increased risk of developing the disease. For skin cancer, one of the genes most related to cases is BRAF, which encodes a protein called B-RAF, involved in cell growth and division. To observe and phylogenetically analyze these genes related to breast and skin cancer, the present work carried out a research using bioinformatics tools, to generate phylogenetic trees for the BRCA1 and BRCA2 genes, with a group of mammal species, and thus compare them. And for the BRAF gene to generate these trees, grouping species of the order of primates. Sequences were acquired at NCBI Orthologs, multiple sequence alignment was performed and specific trees for each analysis were generated, with five different evolutionary methods: Maximum Likelihood (MV), Neighbor Joining (NJ), Minimum Evolution Method (MS), UPGMA and Maximum Parsimony (MP). For the evaluation of the best tree the bootstrap was used, in BRCA1 the best trees were obtained with MP and UPGMA, for the BRCA2 gene and the BRAF was with MP. As well, the high conservation rate of these sequences among the analyzed species and the importance of using biological databases in bioinformatics analysis was noted.

**Keywords:** Breast cancer, Skin cancer, Bioinformatics.