

**PENARIOL, L.B.C.** Análise do transcriptoma e proteoma de células-tronco mesenquimais derivadas do fluxo menstrual de mulheres com endometriose. 2022. 94p. Dissertação (Mestrado) – Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo, 2022.

Dada a importância do sangue menstrual na patogênese da endometriose e os papéis multifuncionais das células-tronco menstruais (MenSCs) na medicina regenerativa, como fonte não invasiva para futuras aplicações clínicas, este tema tem ganhado destaque na comunidade científica e no contexto da endometriose. Revisões recentes acentuam a importância da era “ômica” para a endometriose e destacam quão poderosa é a avaliação integrada desses dados. Até onde sabemos, nenhum estudo utilizou as abordagens multi ômicas em células-tronco mesenquimais derivadas do sangue menstrual na condição de endometriose. Aqui, descrevemos o perfil do transcriptoma e do proteoma dessas células progenitoras, destacando as vias de sinalização desreguladas (sinalização PI3K via AKT para mTORC1, sinalização mTORC1, sinalização TNFA via NFkB, sinalização IL6 STAT3 durante a resposta de fase aguda, sinalização TGF beta e hipóxia via alvos de HIF1A) que modulam os processos biológicos envolvidos na angiogênese, proliferação, migração celular e resposta inflamatória. Além disso, destacamos os genes *ATF3*, *ID1*, *ID3*, *FOSB*, *SNAI1*, *NR4A1*, *EGR1*, *LAMC3* e *ZFP36* e as proteínas MT2A, TYMP, COL1A1, COL6A2 e NID2 que, quando desequilibrados, podem desempenhar um papel essencial na etiopatogenia da endometriose. Esses desbalanços sugerem que o microambiente endometrial inflamatório crônico pode modular essas células e desta forma, oferecer oportunidades para a etiopatogenia da doença. Nossos resultados são importantes para identificar desafios e oportunidades para pesquisas futuras e alavancar o conhecimento em medicina regenerativa e de precisão na doença.

**Palavras-chave:** endometriose; multi-ômicas; perfil de expressão; sangue menstrual; MenSCs