

169. ANÁLISE MOLECULAR DO POLIMORFISMO ALA114VAL DO GEN E GSTP1 EM PACIENTES COM CIRROSE E CARCINOMA HEPATOCELULAR

Pamela R Francelin¹; Ana Livia Silva Galbiatti²; Renato F da Silva³; Érica C Pavarino⁴; Eny M Goloni-Bertollo⁴

1 - Acadêmica do 4º ano de Medicina – FAMERP; 2- Doutoranda da Unidade de Pesquisa em Genética e Biologia Molecular – UPGEM/FAMERP; 3- Prof. Dr. - Coordenador do Grupo de Estudo dos Tumores de Fígado (GETF) da Faculdade de Medicina de São José do Rio Preto – FAMERP; 4- Prof.Adj. – Livre Docente do Depto. Biologia Molecular – UPGEM/FAMERP.

Fontes de Financiamento: Bolsa de Iniciação Científica (PIBIC 2011/2012), CAPES, CNPq, FAPESP; apoio: FAMERP/FUNFARME.

Introdução: Os principais fatores de risco para o carcinoma hepatocelular (CHC) incluem infecção crônica pelos vírus das hepatites B e C, cirrose, doença hepática alcoólica/nãoalcoólica e doenças genéticas hereditárias como a doença de Wilson e a hemocromatose. Essas doenças estão relacionadas com eventos biomoleculares que desencadeiam a carcinogênese do hepatocarcinoma, uma vez que elas podem interferir na síntese de DNA. Polimorfismos em genes metabolizadores de xenobióticos, tais como os membros da família glutationa-S-transferases (GSTs) podem levar ao aumento da ativação dos carcinógenos ou à diminuição da habilidade para inativá-los podendo aumentar o risco para o câncer. **Objetivos:** Este projeto tem como objetivo analisar os polimorfismos Ala114Val (C341T) do gene GSTP1 em pacientes com cirrose e carcinoma hepatocelular e em indivíduos sem história de neoplasia (grupo controle) visando identificar biomarcadores de suscetibilidade deste tipo de câncer. **Casuística e Métodos:** Serão avaliados 80 indivíduos com cirrose ou carcinoma hepatocelular e 200 sem história de neoplasia. As variáveis a serem analisadas serão: Vírus B, Vírus C, etilismo, Esteatohepatite, Hepatite auto-imune, Hemocromatose e Doença de Wilson. A genotipagem dos polimorfismos será realizada por Reação em Cadeia da Polimerase – Polimorfismos de Comprimentos de Fragmento de Restrição (PCR-RFLP). Os achados moleculares, dados demográficos e características clínico-patológicas serão avaliados estatisticamente, por teste de regressão logística múltipla. **Resultados esperados:** Espera-se que o polimorfismo C341T seja fator de risco para cirrose e para o carcinoma hepatocelular.