

## METILAÇÃO DOS GENES *RASSF1A* E *MGMT* EM CARCINOMA ESPINOCELULAR DE CABEÇA E PESCOÇO

Vitor Rafael Regiani<sup>1</sup>; Gustavo Henrique Marucci<sup>1</sup>; Patrícia Matos Biselli Chicote<sup>1</sup>, Cláudia Aparecida Rainho<sup>2</sup>; Mariana Bisarro dos Reis<sup>2</sup>; Dalísio Di Santi Neto<sup>3</sup>; José Vitor Maníglia<sup>4</sup>; Luís Sérgio Raposo<sup>4</sup>; Eny Maria Goloni-Bertollo<sup>5</sup>; Érika Cristina Pavarino<sup>5</sup>

<sup>1</sup>Unidade de Pesquisa em Genética e Biologia Molecular – UPGEM, Faculdade de Medicina de São José do Rio Preto – FAMERP; <sup>2</sup>Depto. de Genética – UNESP/Botucatu; <sup>3</sup>Serviço de Patologia do Hospital de Base de São José do Rio Preto; <sup>4</sup>Serviço de Otorrinolaringologia do Hospital de Base de São José do Rio Preto, Depto. de Otorrinolaringologia e Cirurgia de Cabeça e Pescoço; <sup>5</sup>Depto de Biologia Molecular – UPGEM/FAMERP

**Fonte de Financiamento:** CAPES; FAPESP; CNPq. **Apoio:** FAMERP/FUNFARME.

**Introdução:** A metilação do DNA desempenha um papel importante na regulação da expressão gênica. Durante a tumorigênese, a hipermetilação em regiões promotoras ricas em ilhas CpG é um mecanismo que pode inativar genes supressores de tumor e contribuir para o desenvolvimento de cancer de cabeça e pescoço. **Objetivo:** Avaliar a metilação das regiões promotoras dos genes supressores de tumor *RASSF1A* (*Ras association domain family member 1*) e *MGMT* (*O-6-methylguanine-DNA methyltransferase*) em carcinoma espinocelular de cabeça e pescoço. **Métodos:** O gene *RASSF1A* foi analisado em 42 amostras de tecidos tumorais, enquanto o *MGMT* foi possível para 37 delas. Amostras de tecido normal adjacente ao tumor ou de sangue periférico foram utilizadas como controle. A técnica de *High Resolution Melting* (HRM) foi utilizada para análise de metilação. A amplificação por reação em cadeia da polimerase (PCR) e HRM foi realizada no StepOne PCR em tempo real do sistema (*Applied Biosystems*). **Resultados:** Para o gene *RASSF1A*, 50% (21 de 42) das amostras de tecidos tumorais analisadas para a ilha CpG foram metiladas, enquanto para o *MGMT*, das 37 amostras de tecidos tumorais analisadas, 17 (46%) apresentaram metilação. A análise estatística entre os pares de amostras tumorais e as normais (tecido normal adjacente e sangue) não mostrou diferença significativa quanto à presença de metilação para o gene *RASSF1A* ( $p=0,44$ , teste de Fischer) e para o gene *MGMT* ( $p=1,00$ , teste de Fisher). Também não foi observada diferença significativa para os subgrupos de tecido tumoral e normal adjacente (*RASSF1A*  $p=0,08$  e *MGMT*  $p=1,00$ ), bem como para subgrupo de tecido tumoral e sangue periférico (*RASSF1A*  $p=1,00$  e *MGMT*  $p=1,00$ ). A análise da influência dos fatores epidemiológicos (gênero, idade, cor da pele), dos fatores de risco (tabagismo e etilismo) e dos parâmetros clínicos (estadiamento e sítio primário do tumor) quanto à presença de metilação não mostrou associação significativa para essas variáveis. **Conclusão:** Não foi encontrada associação entre a presença de metilação nos tecidos tumorais para os genes *RASSF1A* e *MGMT* e as características clínico-patológicas, epidemiológicas e fatores de risco.