

ASSOCIAÇÃO DOS POLIMORFISMOS DO GENE EPHX1 E FATORES DE RISCO EM PACIENTES COM CÂNCER COLORRETAL ESPORÁDICO

Nathália F.Gazola¹; Glaucia MM Fernandes²; Marcela A Proença³; Ana Livia S Galbiatti⁴; Anelise Russo⁴; Cláudia RS Silva⁵; Ana Eliabete Silva⁶; João G Netinho⁷; Érika C Pavarino⁸; Eny M Goloni-Bertollo⁸

¹Acadêmica do Curso de Medicina da FAMERP; ²Mestranda da Unidade de Pesquisa em Genética e Biologia Molecular – UPGEM/FAMERP; ³Mestranda da IBILCE/UNESP; ⁴Doutoranda da UPGEM/FAMERP; ⁵Bolsista Treinamento Técnico FAPESP; ⁶Prof. Adj. IBILCE/UNESP; ⁷Prof. Adj. do Depto. de Cirurgia da FAMERP; ⁸Prof. Adj. Livre Docente do Depto. Biologia Molecular da UPGEM/FAMERP

Fonte de Financiamento: BIC/FAMERP 2012-2013; CNPq, FAPESP, CAPES – **Apoio** FAMERP/FUNFARME

Introdução: O câncer colorretal (CCR) é neoplasia maligna que ocorre no intestino grosso e reto, predominando o adenocarcinoma. São considerados fatores de risco idade acima de 60 anos, histórico familiar de câncer, doença inflamatória crônica do intestino, fatores dietéticos e hábitos de vida. Polimorfismos genéticos podem influenciar o metabolismo de carcinógenos favorecendo o desenvolvimento desse tumor. Alguns estudos revelam que há associação entre essa neoplasia e polimorfismos em genes envolvidos no CCR, como o *EPHX1*, que apresenta variantes polimórficas nas diferentes populações. **Objetivos:** Analisar a frequência de dois polimorfismos deste gene e associar com as características clínico-patológicas dos pacientes. **Metodologia:** Serão incluídos na pesquisa 100 pacientes com CCR esporádico (caso) e 200 indivíduos sem história de neoplasia (controle). As variáveis analisadas incluirão tabagismo, etilismo e características demográficas, como gênero e idade. Será feita análise molecular dos polimorfismos *EPHX1* Tyr113His e *EPHX1* His139Arg pela técnica de PCR em Tempo Real após extração do DNA do sangue periférico e os dados serão relacionados com as características clínicas. **Resultados:** Como o projeto iniciou em agosto, a coleta e a extração do DNA dos grupos caso e controle estão em andamento. Já foram coletadas 45 amostras do grupo caso e 100 do grupo controle e a genotipagem está em fase inicial de padronização. A análise de dados demográficos por regressão logística múltipla revelou que houve diferença estatisticamente significativa entre pacientes e controles em relação ao gênero ($p < 0,001$; OR=4,84; IC95%=2,35-9,97), ao tabagismo ($p = 0,007$; OR=7,47; IC95%=1,75-31,96) e ao etilismo ($p = 0,036$; OR=4,11; IC95%=1,10-15,41). **Conclusão:** As variáveis gênero, tabagismo e etilismo foram associadas com risco para esta doença. Os resultados desse projeto contribuirão para a compreensão do envolvimento do metabolismo dos xenobióticos e o CCR e a análise molecular poderá contribuir no esclarecimento dos mecanismos que levam ao processo de tumorigênese, além de colaborar no tratamento.