



ANÁLISE DA ASSOCIAÇÃO DO POLIMORFISMO SER501GLY DO GENE FANCA E O DESENVOLVIMENTO DE CÂNCER DE COLO UTERINO

Patrícia Jaqueline Stahl¹, Daniel Simon²

¹Aluna do curso de graduação em Biomedicina, ULBRA, Canoas, RS – Bolsista PROBIC/FAPERGS – patriciasthl8@gmail.com

²Professor do curso de graduação de Ciências Biológicas e do PPG em Biologia Celular e Molecular Aplicada à Saúde, ULBRA, Canoas, RS.

INTRODUÇÃO

O câncer de colo uterino é um dos tumores malignos que mais afetam a população feminina em todo o mundo¹. No Brasil, foram estimados 16.340 novos casos de câncer cervical em 2016. Em 2013, o Sistema de Informação sobre Mortalidade (SIM) notificou 5.430 mortes². O gene *Fanconi Anemia Complementation Group A* (FANCA) integra uma família gênica constituída por vários genes, associados a diferentes processos tumorais, incluindo o câncer de colo de útero³. O gene interage com proteínas citoplasmáticas e com proteínas nucleares, entretanto, alguns dados sugerem que o FANCA tem uma função citoplasmática distinta, além da função nuclear.

OBJETIVO

Este trabalho tem por objetivo analisar a associação entre o polimorfismo Ser501Gly (rs2239359) do gene FANCA e o desenvolvimento de câncer de colo de útero.

METODOLOGIA

Projeto aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa da Universidade de Cruz Alta.

COLETA DAS AMOSTRAS:
(SUABES ORAIS)

EXTRAÇÃO DO DNA

AMPLIFICAÇÃO POR PCR
(REAÇÃO EM CADEIA DA POLIMERASE)

GENOTIPAGEM UTILIZANDO
SONDAS ALELO-ESPECÍFICAS

ANÁLISES ESTATÍSTICAS

RESULTADOS

Um total de 278 participantes foi incluído no estudo, com idade média de $49,1 \pm 13,0$ anos. As frequências dos genótipos do polimorfismo Ser501Gly não apresentaram diferenças estatisticamente significativas entre os casos e os controles.

Tabela 1: Frequências alélicas e genotípicas do polimorfismo em casos e controles.

	Casos n (%)	Controles n (%)	Valor do p
Alelos			1,000
T	92 (48,4)	178 (48,4)	
C	98 (51,6)	190 (51,6)	
n	190	368	
Genótipos			0,902
T/T	22 (23,1)	40 (21,7)	
T/C	48 (50,5)	98 (53,3)	
C/C	25 (26,4)	46 (25,0)	
n	95	184	

Há diversos polimorfismos descritos no gene FANCA. O polimorfismo Ser501Gly mostrou-se associado com o aumento do risco de câncer de colo uterino, em estudo de base populacional com 10.049 mulheres realizado na Costa Rica por WANG et al³. Este polimorfismo tem sido pouco explorado até o momento, mesmo em outros contextos além da associação ao câncer de colo uterino.

CONCLUSÃO

O polimorfismo Ser501Gly (rs2239359) do gene FANCA não está associado ao câncer de colo uterino na amostra estudada.

REFERÊNCIAS

¹LI, Haoran; WU, Xiaohua; CHENG, Xi. Advances in diagnosis and treatment of metastatic cervical cancer. *Journal of Gynecological Oncology*, Shanghai, v. 27, n. 4, p. 27-43, Mai. 2016

²INCA. Colo do útero. Instituto Nacional de Câncer José Alencar Gomes da Silva, 2016. Disponível em: <http://www2.inca.gov.br/wps/wcm/connect/tiposdecancer/site/home/colo_uterio/definicao>. Acesso em: 20 Mai. 2016.

³WANG, S. S. et al. Common Variants in Immune and DNA Repair Genes and Risk for Human Papillomavirus Persistence and Progression to Cervical Cancer. *The Journal of Infectious Diseases*, Rockville, v. 199, n. 1, p. 20-30, Jan. 2009.

Apoio Financeiro:

