



B0072

**PREVALÊNCIA DAS MUTAÇÕES C677T E A1298C DO GENE DA METILENOTETRAHIDROFOLATO REDUTASE (MTHFR) ENTRE PACIENTES COM CÂNCER DE MAMA**

Julia Girardi Cutovoi (Bolsista FAPESP) e Profa. Dra. Carmen Sílvia Bertuzzo (Orientadora), Faculdade de Ciências Médicas - FCM, UNICAMP

O metabolismo do ácido fólico, catalisado pela enzima MTHFR, é responsável pela metilação do DNA e regulação da expressão gênica. A deficiência da MTHFR pode levar a um quadro de hipometilação do DNA que, segundo diversos pesquisadores relaciona-se com a instabilidade e aneuploidia observadas em tumores humanos, por afetar a dosagem de genes supressores de tumores. Estudos concluíram que a baixa atividade da enzima MTHFR pela mutação C677T de seu gene pode aumentar o risco de ocorrência de câncer de mama abaixo dos 40 anos de idade. O objetivo do trabalho é investigar a prevalência dos polimorfismos C677T e A1298C em uma amostra de mulheres portadoras de câncer de mama, por meio da técnica de PCR e digestão enzimática específica. Foram analisados 206 DNAs para o polimorfismo A1298C e realizadas 300 PCRs para o polimorfismo C677T. Na análise da mutação A1298C, encontramos diferenças significativas na distribuição genotípica entre o grupo de câncer de mama com histórico e o grupo controle e entre os grupos com câncer de mama.

Câncer de mama - MTHFR - Ácido fólico