



B0091

POLIMORFISMOS DOS GENES *GSTM1*, *GSTT1* E *VEGF*, ASSOCIADOS À ANGIOGENESE, NO RISCO DO MIELOMA MÚLTIPLO

Eliel Wagner Faber (Bolsista SAE/UNICAMP), Gustavo J. Lourenço, Manoela M. Ortega, Priscilla M. R. Silva, Carmino A. de Souza, Irene Lorand-Metze e Profa. Dra. Carmen Silvia Passos Lima (Orientadora), Faculdade de Ciências Médicas - FCM, UNICAMP

A formação de novos vasos sanguíneos, angiogênese (AG), é etapa necessária para o desenvolvimento de tumores, incluindo o mieloma múltiplo (MM). As enzimas do sistema da glutationa-S-transferase (GST) e o fator de crescimento do endotélio vascular (VEGF) têm influencia na AG. Os genes *GSTM1*, *GSTT1* e o *VEGF* são polimórficos em humanos. Os papéis desses genes na ocorrência do MM não se encontram esclarecidos o que estabelece o objetivo do nosso estudo. O DNA genômico de 117 pacientes e 150 controles foi analisado pelo método da reação em cadeia da polimerase (multiplex-PCR) e PCR e digestão enzimática para identificar os genótipos dos genes *GSTM1*, *GSTT1* e C936T *VEFG*, respectivamente. Observamos que a frequência da presença do gene *GSTM1* foi maior em pacientes do que em controles (65,0% versus 52,0%, $P= 0,02$). Indivíduos com a presença do *GSTM1* estiveram sob risco 1,78 vezes maior de ocorrência da doença do que os com a deleção do gene (IC 95%: 1,07–2,96). Frequências similares dos genótipos dos genes *GSTT1* e *VEGF* foram observadas em pacientes e controles. Indivíduos com os genótipos distintos dos genes estiveram sob riscos similares de ocorrência da doença. Concluímos que os polimorfismos do gene *GSTT1* e *VEGF* C936T, combinados ou isolados, parecem não influenciar o risco de MM. Entretanto, aumento do risco da doença parece estar associada com a presença do gene *GSTM1*.

Mieloma múltiplo - VEGF - Polimorfismos