

ANÁLISE DE ALTERAÇÕES EPIGENÉTICAS DO GENE CDH1 EM TUMORES GÁSTRICOS (APOIO UNIP)

Aluna: Micheli Pronunciate

Orientadora: Profa. Dra. Adriana Camargo Ferrasi

Curso: Biomedicina

Campus: Bauru

O câncer gástrico é a quarta neoplasia mais frequente no mundo, acometendo duas vezes mais o sexo masculino. A maior parte dos casos são adenocarcinomas (90%) e se classificam histologicamente em tipo intestinal e difuso. A metilação é um processo fisiológico, mas quando aberrante pode levar à inativação de genes supressores de tumor. Inicialmente, quando descoberta na região promotora do gene CDH1 de tumores gástricos do tipo difuso, foi associada à redução da atividade transcricional e pareceu levar a um pior prognóstico e tumores mais invasivos. O presente estudo teve como objetivo determinar o perfil de metilação no gene CDH1 em amostras de tumores gástricos do tipo difuso e correlacionar com as características clínicas e epidemiológicas de pacientes provenientes de dois Estados brasileiros: São Paulo e Ceará. Foram analisadas 30 amostras de tumores gástricos do tipo difuso. As amostras foram submetidas ao tratamento com bissulfito de sódio, como descrito por Herman et al. O DNA modificado foi amplificado por PCR Específica para Metilação (MSP-PCR) e os resultados foram visualizados em gel de poliacrilamida não desnaturante a 6%, corado por nitrato de prata. A metilação do gene CDH1 foi confirmada em 66,7% dos casos. Em adenocarcinomas difusos, a frequência mais elevada foi em tumores de estágio inicial, parecendo indicar que a metilação de CDH1 é um evento precoce em adenocarcinomas do tipo difuso.