



## VARIANTES GENÉTICAS RELACIONADAS À ANGIOGÊNESE EM PACIENTES COM CARCINOMA HEPATOCELULAR

**Maria Eduarda Lopes Baitello<sup>1</sup>, Rafael Fernandes Ferreira<sup>2</sup>, Graciele Domitila Tenani<sup>3</sup>, Renato Ferreira da Silva<sup>4</sup>, Dorotéia Rossi da Silva Souza<sup>4</sup>, Rita de Cássia Martins Alves da Silva<sup>5</sup>**

<sup>1</sup>Graduanda em Biomedicina, estagiária no Núcleo de Pesquisa em Bioquímica e Biologia Molecular-NPBIM - Faculdade de Medicina de São José do Rio Preto-FAMERP

<sup>2</sup>Biomédico, estagiário no Núcleo de Pesquisa em Bioquímica e Biologia Molecular – NPBIM-Faculdade de Medicina de São José do Rio Preto-FAMERP

<sup>3</sup>Bióloga mestranda do Programa de Pós-Graduação em Ciências da Saúde – Faculdade de Medicina de São José do Rio Preto-FAMERP

<sup>4</sup>MD, PhD - Serviço de Gastroenterologia do Hospital de Base da Faculdade de Medicina de São José do Rio Preto-HB/FAMERP

<sup>5</sup>Geneticista – Departamento de Biologia Molecular da Faculdade de Medicina de São José do Rio Preto-FAMERP

**Introdução** – O fator de crescimento endotelial vascular (VEGF) atua na angiogênese, associando-se a vários tipos de câncer, o que deve ser esclarecido para o carcinoma hepatocelular (CHC). **Objetivos** – Avaliar a associação de polimorfismos de VEGF-A (C936T e G1154A) com carcinoma hepatocelular e sua progressão para transplante hepático e óbito, e identificar fatores de risco para a doença, incluindo hepatites virais, cirrose e hábitos de vida. **Casística e Métodos** – Foram estudados 95 pacientes com diagnóstico clínico histopatológico de CHC primário e 106 indivíduos sem a doença. Os polimorfismos do VEGF-A foram analisados por PCR/RFLP (polymerase chain reaction/restriction fragments length polymorphism). Dados clínicos foram coletados em questionário e prontuário médico. **Resultados** – Prevaleram os genótipos homozigotos selvagens para VEGF-C936T (C/C) e VEGF-G1154A (G/G) em pacientes (69% e 58%, respectivamente) e controles (71% e 59%, respectivamente), sem diferença significativa entre os grupos ( $P=0,965$ ,  $P=0,938$ , respectivamente). Evoluíram para transplante hepático 26 (27,3%) pacientes e a óbito 22 (23,1%), sem relação entre o perfil genético e os referidos eventos ( $P>0,05$ ). Destacou-se, entre os pacientes, cirrose (80%), seguido de hepatite C (49%) e hepatite B (20%). Tabagismo e etilismo prevaleceram nos pacientes (51% e 56% versus controles=17% e 10%, respectivamente,  $P<0,0001$ , para ambos). **Conclusão** – Os polimorfismos de VEGF-A (C936T e G1154A) não se associam a carcinoma hepatocelular e sua progressão, o que deve ser confirmado em casísticas mais numerosas e estudos prospectivos. No entanto, tabagismo e etilismo destacam-se como fatores de risco independentes para a doença.

**Descritores:** Fígado; crescimento endotelial vascular; Suscetibilidade genética; PCR; RFLP

**Financiamento:** FAPESP