

# EXPRESSÃO DE COX-2 EM PACIENTES COM CÂNCER DE MAMA DO MUNICÍPIO DE SANTO ANDRÉ (APOIO UNIP)

**Aluna:** Camila Paula de Souza

**Orientadora:** Profa. Dra. Flávia de Sousa Gehrke

**Curso:** Biomedicina

**Campus:** Tatuapé

O câncer de mama é uma doença que afeta milhares de mulheres anualmente em todo mundo; se diagnosticado no primeiro ano apresenta uma taxa de sobrevivência em 91%. Em 2014, 57.120 novos casos foram registrados no Brasil. A maioria está relacionada com fatores ambientais e de estilo de vida (10% dos casos estão relacionados com fatores hereditários). Em diversos tipos de câncer é encontrada uma superexpressão de ciclo-oxigenases (COX-2). As COXs são responsáveis por sintetizar ácido araquidônico em prostaglandinas a partir da fosfolipases das membranas celulares e são importantes em vários processos fisiológicos e em processos inflamatórios por citocinas e fatores de crescimento. A COX-2 relaciona-se a parâmetros de agressividade do câncer, tamanho tumoral, *status* nodal positivo e menor sobrevida. Além disto, há angiogênese e resistência à apoptose. Objetivo: observar o perfil de expressão do gene da COX-2 em pacientes com câncer de mama do ambulatório da FMABC. Métodos: 15,0mL de sangue periférico foram coletados de 35 pacientes com câncer de mama e de 23 mulheres saudáveis. A extração de RNA bem como a síntese de cDNA foram realizadas de acordo com as recomendações dos respectivos *kits*: QIAamp RNA *blood* mini e Superscript II RNase transcriptase reversa. O *Real Time-PCR* quantitativo foi realizado com auxílio dos oligonucleotídeos específicos COX-2 e o gene endógeno GAPDH. Resultados: A média de idade apresentada das pacientes foi de 53 anos (8,57%: estágio I, 40%: estágio II e 51,43%: estágio III). A média do tempo de progressão foi de 33 meses. A média de expressão de COX-2 nas pacientes foi de 4,1; enquanto no grupo controle foi de 2,3. Conclusões: o grupo das pacientes com câncer de mama apresentou uma média de expressão maior de COX-2 ao diagnóstico do que o

grupo controle. Essa informação pode ter um significado importante no diagnóstico e prognóstico da doença sendo necessários novos testes com um “n” maior de amostras.