

## **AVALIAÇÃO DA METILAÇÃO DO PROMOTOR DO GENE *p16* EM AMOSTRAS DE CÂNCER BUCAL E LESÕES PRÉ-MALIGNAS**

**YURGEL, Virginia<sup>1</sup>; NEDEL, Fernanda<sup>1</sup>; TARQUINIO, Sandra<sup>2</sup>; COLLARES, Tiago<sup>1</sup>; SEIXAS, Fabiana<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Grupo de Oncologia Celular e Molecular, Laboratório de Genômica Funcional, Centro de Desenvolvimento Tecnológico (CDTec), Universidade Federal de Pelotas

<sup>2</sup>Faculdade de Odontologia, Universidade Federal de Pelotas  
*virginia.yurgel@gmail.com*

Cânceres de Cabeça e Pescoço são frequentes, sendo o carcinoma espinocelular (CEC) o tipo mais comum de câncer nessa região. Estimativas apontam para um alto índice mundial de mortalidade em decorrência dessa patologia, principalmente em países menos desenvolvidos. No CEC, o processo de carcinogênese envolve o surgimento de lesões pré-malignas, que podem evoluir para um fenótipo maligno invasivo. Tais lesões exibem diferentes graus de anormalidades histológicas, sendo difícil prever a probabilidade da progressão. Um dos principais alvos de modificações gênicas é a região 9p21, locus *CDKN2A*, onde se encontra o gene supressor de tumor *p16*, frequentemente inativado por deleção, mutação ou metilação em diversos tipos de câncer. Alterações na expressão do gene *p16* possivelmente ocorram precocemente na progressão do câncer oral, e podem estar relacionadas a um pior prognóstico. A metilação do DNA é uma modificação epigenética de regiões promotoras, com importante papel no desenvolvimento do câncer. A detecção de modificações no padrão de metilação pode levar a identificação de prováveis marcadores moleculares envolvidos no CEC intrabucal. Amostras foram coletadas com escovas citológicas, tanto da região da lesão quanto de outro sítio bucal sem evidências de neoplasia ou inflamação. Para avaliação da metilação foi realizada transformação do DNA por bissulfito de sódio, transformando citosinas não metiladas em uracilas. Seguida pela técnica de PCR metilação-específica, utilizando-se *primers* que distinguem sequências metiladas e não metiladas. Foram avaliadas até o momento 28 amostras, entre carcinomas e lesões pré-malignas, e 4 apresentaram o promotor do gene *p16* metilado. As amostras de regiões distantes da lesão não se apresentaram metiladas. Das amostras metiladas, 1 possuía diagnóstico de CEC, 2 de displasia moderada a severa, e 1 de acantose e hiperortoceratose. Nenhuma amostra com diagnóstico de processo inflamatório ou de líquen plano apresentou-se metilada. Tal avaliação pode constituir um potencial parâmetro diagnóstico ou prognóstico adicional.

Palavras-chaves: carcinoma espinocelular, esfoliação citológica, metilação, *p16*, marcador diagnóstico.