

O câncer de esôfago tem sido apontado como a sexta causa de morte por câncer no mundo. No diagnóstico, mais de 50% dos pacientes apresentam doença avançada, o que resulta em dificuldades para sua detecção precoce. Informações sobre sua biologia molecular podem contribuir para a proposição de novos testes diagnósticos e fornecer informações acerca dos agentes etiológicos. O objetivo do estudo é verificar a prevalência das mutações esofágicas nos exons 5 a 8 do gene Tp53 em pacientes com carcinoma epidermóide de esôfago (CEE) e a associação com a infecção por HPV, comparando amostras do Rio Grande do Sul (RS) e Sudeste (SD) brasileiros. O estudo tem caráter transversal e prospectivo. Foram realizadas biópsias endoscópicas de tecido tumoral e tecido normal adjacente. O material foi submetido à técnica de PCR-SSCP com seqüenciamento nos exons 5 a 8 do DNA. As amostras também foram analisadas quanto à infecção por HPV pela técnica PCR-NESTED. Os resultados obtidos são parciais. Foram incluídos até então 52 pacientes do RS, com 12 mutações (23,1%), sendo 7 no exon 5 (58,3%), 2 no exon 6 (16,7%), 2 no exon 7 (16,7%) e 1 no exon 8 (8,3%). Comparando-se com a amostra do SD, foram encontradas semelhanças como alta frequência de mutações A:T e média frequência de mutações G:C, não CpG e de mutações G:C>A:T. A infecção por HPV foi analisada em 156 amostras (104 SD;52 RS). A presença viral foi detectada em 14 tumores, todos do subtipo de alto risco (HPV 16). A prevalência em pacientes no RS foi 14% comparado a 4,8% do SD, com $p>0,05$ devido ao tamanho amostral limitado. Esta diferença pode ser devida ao consumo do chimarrão, o que facilitaria a infecção viral através de lesão térmica à mucosa esofágica. Não houve associação entre a presença de mutações no gene Tp53 e infecção por HPV. O aumento do número de amostras é fundamental para haver condições de avaliar a mutagênese do CEE.