

058

INVESTIGAÇÃO DA GENOTOXICIDADE EM TRABALHADORES EXPOSTOS A AGROTÓXICOS - RELAÇÃO COM GENES DE SUSCETIBILIDADE. *Vanessa E. Emmel, Fernanda da Silva, Vanina Heuser, Vanessa Andrade Bernardo Erdtmann, João P Henriques, Juliana da Silva, Kátia Kvitko* (Departamento de Genética, Instituto de Biociências, UFRGS)

A exposição a agrotóxicos pode representar um risco potencial à saúde humana. Desta forma, devido ao constante uso de diferentes defensivos agrícolas pelos viticultores da região serrana do nosso Estado, o objetivo deste trabalho é analisar a influência dos polimorfismos de genes de detoxificação nos níveis de danos celulares de trabalhadores expostos a agrotóxicos. Foram analisados, pelas técnicas da PCR e RFLP, polimorfismos nos genes *CYP1A1*, *CYP2E1*, *GSTM1*, *GSTT1* e *GSTP1* em 46 viticultores da região de Caxias do Sul (RS). A avaliação de dano celular foi realizada através do Ensaio Cometa (índice de dano – ID) e do Teste de Micronúcleo (MN). Observou-se, quando comparado o grupo exposto com o grupo controle, um aumento significativo de ID ($P < 0,001$) e, um número de células com MN elevado. Não foram observadas diferenças significativas entre idades, e nem entre o tempo decorrido desde a última exposição pelo agricultor. Quando correlacionada a frequência de MN com os genótipos dos genes de detoxificação analisados, pode-se verificar que somente o gene *CYP1A1* pareceu estar relacionado com as respostas individuais, uma vez que indivíduos heterozigotos *Ile/Val* apresentaram valores significativamente maiores de MN ($P < 0,05$). Foi detectada diferença significativa quando comparadas as médias de ID entre os indivíduos com menos de 40 anos e com genótipo nulo para o gene *GSTM1* em relação aos indivíduos com genótipo *GSTM1* selvagem. Os resultados parciais, até o momento, indicam que os viticultores expostos aos pesticidas parecem estar sendo afetados pela exposição ocupacional, e que suas respostas quanto à frequência de MN pode estar relacionada ao sistema *CYP1A1* enquanto que o gene *GSTM1* parece estar influenciando o nível de dano celular. (CNPq, FINEP, Fapergs, PRONEX)