

ANÁLISE DA EXPRESSÃO GÊNICA DO RECEPTOR DE ANDROGÊNIOS E DO COMPLEXO P160 EM TUMORES DE PRÓSTATA

ANA CAROLINE HILLEBRAND; VANDERLEI BIOLCHI, LOLITA SCHNEIDER, BRASIL SILVA NETO, WALTER JOSÉ KOFF, MILTON BERGER E ILMA SIMONI BRUM DA SILVA

Introdução: Doenças da próstata apresentam alta incidência, morbidade e mortalidade. O mecanismo de desenvolvimento dos tumores prostáticos ainda não é conhecido, especialmente o papel dos androgênios, os quais podem evocar respostas diferentes em determinados tipos de tumores. Estudos demonstram o envolvimento do receptor de androgênios (AR) no processo de formação tumoral da próstata. O complexo p160 é formado por uma família de genes (SRC-1, AIB-1 e GRIP) com o peso de 160kDa que se liga ao AR exercendo função co-ativadora, podendo assim, aumentar a sua expressão. **Objetivos:** Investigar a expressão gênica do AR e do complexo p160 em amostras de hiperplasia prostática benigna (HPB) e câncer de próstata (CaP). **Métodos:** O tecido prostático foi obtido, por remoção cirúrgica, de 97 pacientes com diagnóstico de CaP ou HPB, com aprovação do comitê de ética institucional. O RNA total destas amostras foi extraído com o reagente TRIZOL®, seguindo o protocolo do fabricante. A expressão gênica do AR e do p160 foram avaliadas por RT-PCR em tempo real. **Resultados:** A expressão de AR foi de 0,48 (0,25 – 1,35) e 0,25 (0,07 – 0,85) ($p=0,013$); GRIP 1,46 (0,79 – 2,56) e 0,81 (0,39 – 1,17) ($p=0,001$); AIB1 1,11 (0,54 – 1,84) e 0,67 (0,50 – 1,37) ($p=0,042$); SRC-1 1,59 (0,96 – 2,18) e 1,35 (1,00 – 2,13) ($p=0,404$) respectivamente em CaP e HPB. Os genes AR, GRIP e AIB1 foram significativamente mais expressos no grupo CaP do que no grupo HPB. Não houve diferença na expressão do SRC-1 ($p=0,404$) entre os grupos. **Conclusões:** Este estudo indica uma maior participação do gene AR no grupo câncer em relação ao grupo HPB. Esta participação poder estar associada ao aumento da expressão dos co-ativadores AIB-1 e GRIP. Para melhor análise, está sendo estudada a expressão protéica desses genes.