

AUTOR:
EMERSON DE OLIVEIRA
ORIENTADOR:
PROF. DR. MANOEL JOÃO
BATISTA CASTELLO GIRÃO

Avaliação do polimorfismo do gene da catecol-orto-metiltransferase (COMT) como fator relacionado ao desenvolvimento do leiomioma do útero

The catechol-o-methyltransferase (COMT) gene polymorphism and prevalence of uterine fibroids

Resumo de tese

Palavras-chave

Fibroma uterino
Leiomioma uterino
Fatores de risco
Catecol-orto-metiltransferase
Polimorfismo

Key words

Uterine fibroid
Uterine leiomyoma
Risk factors
Catechol-o-methyltransferase
Polymorphism

Tese apresentada à Universidade Federal de São Paulo – Escola Paulista de Medicina, para a obtenção do título de Doutor em Ciências, em 18 de julho de 2008

OBJETIVO: avaliar o polimorfismo da catecol-orto-metiltransferase como possível fator relacionado ao desenvolvimento de leiomioma do útero. **MÉTODOS:** foram comparadas, em estudo caso-controlado, 124 mulheres com leiomioma uterino sintomático, que se submeteram a tratamento cirúrgico (casos) e 193 mulheres na pós-menopausa sem diagnóstico prévio ou atual dessa afecção (controles). Os grupos foram analisados quanto à presença do polimorfismo do gene da COMT. A genotipagem foi realizada por meio de reação em cadeia da polimerase (PCR), com DNA proveniente de punção venosa periférica no Grupo Controle, ou de fragmento de leiomioma retirado durante a histerectomia no Grupo Caso. Os grupos foram estratificados por raça e, a seguir, para cálculo da razão de chances, ou *odds ratio* (OR), para a ocorrência da doença, aplicou-se o modelo de regressão logística. O nível de significância adotado foi de 5% ($p < 0,05$) e o intervalo de confiança foi de 95% (IC 95%). **RESULTADOS:** o polimorfismo da COMT foi mais prevalente nas mulheres da raça branca ($p = 0,013$). Após a estratificação pelo volume uterino, o modelo de regressão logística demonstrou que o polimorfismo da COMT, nas pacientes com leiomioma do útero, correlacionou-se com tumores maiores (OR=4,35; IC 95%=1,58-12; $p = 0,004$). **CONCLUSÕES:** a presença do polimorfismo do gene da COMT correlacionou-se com tumores maiores nas mulheres com leiomioma do útero.