

Autores: Gabriel Moreira Crelier¹; Rodrigo Barcelos Alves¹; Gabriela Seigneur Barroso¹; Daniel Perin Nunes¹; Bruno de Medeiros Corrêa¹; Henrique Almada Heleno¹; Daniela Bouzas Rodeiro¹; Fabrício Borges Carrerette¹; Rui de Teófilo e Figueiredo Filho¹; Ronaldo Damião¹ 1- Hospital Universitário Pedro Ernesto/UERJ

Introdução e Objetivo

Alguns cânceres de próstata (CP) são indolentes e localizados enquanto outros evoluem como uma doença agressiva e metastática. Alguns pacientes recidivam apesar da terapêutica incisiva, enquanto outros são potencialmente prejudicados pelo tratamento agressivo e se beneficiariam de vigilância ativa ou de terapias localizadas. É fundamental diferenciar precocemente esses grupos, o que passa pela instabilidade genômica, fator determinante, capaz de individualizar a abordagem terapêutica. Correlacionamos a frequência de variantes genéticas identificadas pelo Sequenciamento de Nova Geração (SNG) em 20 genes de interesse na fisiopatologia do CP com recidiva bioquímica

Método

Estudo de coorte observacional retrospectivo longitudinal não controlado que visa revisão de prontuário de **57 pacientes** submetidos a **prostatectomia** de 2016 a 2018 e que tiveram sangue e material tumoral submetidos ao SNG para identificação de variantes genéticas. Através de da Regressão de Poisson, foram analisadas as variantes genéticas nos grupos com e sem recidiva bioquímica.

Figuras

Variável	óbito	vivo
Idade (anos)	66,1 ± 8,1	64,0 ± 5,2
PSA	21,5 (13 - 57)	8,6 (7 - 22)
GLEASON	8 (7 - 9)	7 (6 - 9)
Histórico familiar		
sim	3 (37,5%)	8 (30,8%)
não	5 (62,5%)	18 (69,2%)
Raça		
Branco	7 (46,6%)	21 (50,0%)
Pardo	6 (40,0%)	7 (16,6%)
Negro	2 (13,3%)	13 (30,9%)

Tabela 1- Análise descritiva das variáveis clínicas segundo óbito doença específico

Variável independente	Coefficiente	RR	IC 95%	p valor
chr8_134250255_SNV_T_A	-0,45	0,64	0,44 -0,92	0,016
chr8_81883905_SNV_T_C	-0,34	0,71	0,52 -0,97	0,032

Tabela 2 – Regressão de Poisson para a recidiva bioquímica

Resultados

Segundo a Regressão de Poisson, observou-se que as seguintes variantes foram preditores independentes para **recidiva bioquímica**, sendo os dois **fatores de proteção**:

- **chr8_134250255_SNV_T_A** ($p = 0,016$; **RR = 0,64**)
- **chr8_81883905_SNV_T_C** ($p = 0,032$; **RR = 0,71**)

As demais não apresentaram contribuição significativa, ao nível de 5%, na presença dos selecionados.

Conclusão

O presente estudo adquire importância ao:

- Apontar uma possível **assinatura genética** do CP
- Através do SNG, tal essa assinatura pode ser usada para refinar a **definição de gravidade e individualizar** a abordagem do CP.

Referências

- 1- Zhang E, Zhang M, Shi C, Sun L, Shan L, Zhang H, et al. An overview of advances in multi-omics analysis in prostate cancer. Life Sci. 2020;260:118376.
- 2- Schiewer MJ, Knudsen KE. Basic Science and Molecular Genetics of Prostate Cancer Aggressiveness. Urol Clin North Am. 2021;48(3):339-47.
- 3- Berro T, Barrett E, AlDubayan SH. Clinical Multigene Testing for Prostate Cancer. Urol Clin North Am. 2021;48(3):297-309.
- 4- Tong D. Unravelling the molecular mechanisms of prostate cancer evolution from genotype to phenotype. Crit Rev Oncol Hematol. 2021;163:103370.