



XVII encuentro
Participación de la
Mujer
en la Ciencia



ASOCIACIÓN DE LOS POLIMORFISMOS rs670 Y rs5069 EN EL GEN APOA1 CON CÁNCER DE MAMA EN POBLACIÓN MEXICANA DE OCCIDENTE.

Laura Vargas Obieta¹, Kiabeth Robles Espinoza¹, Susan Andrea Gutiérrez Rubio¹, Alejandrina Muñoz Palomeque¹, Lidia Ariadna Rubio Chávez¹ y Roberto Carlos Rosales Gómez²

1 Centro Universitario de Ciencias de la Salud, 2 Centro Universitario de Tonalá. laura.vargas@alumnos.udg.mx

La apolipoproteína A1 (ApoA-I) es el componente mayoritario del HDL, necesario para su ensamblaje y para el transporte de colesterol de los tejidos periféricos al hígado para catabolizarse. Además, se ha reportado que esta proteína tiene un papel en inflamación, tumoración y metástasis en cáncer. Varios estudios han encontrado niveles séricos menores de ApoA-I en pacientes con cáncer. Entre los polimorfismos que presenta el gen APOA1 existen una sustitución de una adenina por guanina localizada a -75 pb (rs5069) y de una timina por citosina a +83 pb (rs1799837) del gen APOA1. En un estudio realizado por Hamrita y col. en 295 pacientes con cáncer de mama y 197 controles de Túnez, se encontró una asociación en mujeres premenopáusicas portadoras del alelo A y una asociación del alelo T que señala un riesgo mayor de recurrencia de metástasis gangliolar. En otra investigación realizada en China por ZhiHong y col. en 216 pacientes con cáncer renal y 216 controles se encontró un riesgo una mayor susceptibilidad a cáncer renal para el genotipo AA y portadores del alelo A en el polimorfismo -75. El objetivo de esta investigación fue analizar la asociación de los polimorfismos rs5069 y rs1799837 en el gen ApoA1 en mujeres mexicanas con cáncer de mama. Para esto, se obtuvieron muestras de sangre periférica de 280 mujeres con cáncer de mama y 80 de población general, se extrajo el ADN por el método de sales de Miller y se realizó la técnica de PCR-RFLP utilizando la enzima de restricción MspI, visualizándose mediante el uso de electroforesis con tinción en nitrato de plata. Se realizó conteo génico y prueba de Fisher y χ^2 Se determinaron las frecuencias de los genotipos en los grupos de estudio. Dentro de los resultados obtenidos, para el polimorfismo rs5069 en los alelos observados en los casos fueron GG 22.86%, GA 43.57%, AA 33.57% y para los controles GG 22.5%, GA 72.5%, AA 5%. Por su parte para el polimorfismo rs1799837 los casos fueron CC 46.43%, CT 53.57%, TT 0% y para los controles CC 22.5%, CT 72.5%, TT 5%. En base al análisis estadístico se encontró una asociación de riesgo para presentar cáncer de mama significativa de las personas portadoras del alelo A con OR de 1.766 (CI.1.067-2.922, con $p=0.026$); y los homocigotos AA presentan un riesgo de 6.609 (CI. 0.423-2.271, con $p=0.01$) veces más de presentar cáncer de mama para el polimorfismo -75. Por otro lado, se encontró una asociación inversa para presentar cáncer de mama de los portadores del alelo T con OR de 0.521 (CI.0.310-0.875 con $p=0.01$) y homocigotos TT con OR=0.029 (CI. 0.001-0.651, $P=0.0005$).