

ANÁLISE DA EXPRESSÃO DOS GENES *SERPINA1* E *TFF3* NA PREDIÇÃO DO ENVOLVIMENTO DE LINFONODOS EM NEOPLASIAS MAMÁRIAS

Raissa Monteiro da Silva¹

Eliane Aline Ribeiro²

Luis Henrique Ferreira de Moraes³

Abaetê Leite do Canto⁴

Renata de Azevedo Canevari⁵

Resumo: O status dos linfonodos axilares é o fator prognóstico mais informativo no tratamento das pacientes com câncer de mama. Assim, a identificação de marcadores moleculares no tumor primário que possa permitir uma classificação mais precisa das pacientes em relação à necessidade, é extremamente importante para uma conduta clínica mais adequada. O objetivo deste estudo foi determinar se os genes *SERPINA1* e *TFF3* são marcadores preditivos em câncer de mama pela análise de expressão gênica de RT-qPCR. Para isto, foi comparado o grupo de tumores primários com envolvimento de linfonodos e tumores primários sem linfonodos acometidos, além da análise dos linfonodos correspondentes. Nossos resultados demonstraram que ambos os genes analisados não possuem papel preditivo relacionado ao desenvolvimento destes carcinomas.

Palavras-chave: Expressão gênica; Linfonodo axilar; Câncer de mama.

¹ Graduanda em Biomedicina – Universidade do Vale do Paraíba – UNIVAP, Brasil. E-mail: raissa_monteiro_silva@uahoo.com.br.

² Graduanda em Biomedicina – Universidade do Vale do Paraíba – UNIVAP, Brasil. E-mail: elianeribeiro319@gmail.com.

³ Médico Mastologista – Hospital São Francisco de Assis, Departamento de Mastologia / Jacareí, Brasil. E-mail: drluismoraes@hotmail.com.

⁴ Médico Patologista – Centro de Medicina Diagnóstica / São José dos Campos, Brasil. E-mail: abaete@cipax.com.br.

⁵ Professora Doutora e Pesquisadora na Universidade do Vale do Paraíba – UNIVAP, Brasil. E-mail: rcanevari@univap.br.