



POLIMORFISMOS GENÉTICOS EN DESÓRDENES POTENCIALMENTE MALIGNOS: METAANÁLISIS DE ESTUDIOS OBSERVACIONALES

BONO A¹, UNAMUNO V², BARRA JL³, ZARATE AM², BRUNOTTO M²

¹*Departamento de Patología Bucal, Facultad de Odontología, Universidad Nacional de Córdoba.*

²*Departamento de Biología Bucal, Facultad de Odontología, Universidad Nacional de Córdoba*

³*CIQUIBIC, UNC-CONICET, Departamento de Química Biológica, Facultad Ciencias Químicas,
Universidad Nacional de Córdoba.*

alejandrabono@hotmail.com

RESUMEN

Los desórdenes orales potencialmente malignos (DOPM), generalmente, pueden ser predecesores del desarrollo del cáncer oral y el mayor desafío es poder predecir cuándo pueden progresar hacia un carcinoma oral según los polimorfismos de un solo nucleótido (SNP) presentes en los individuos con estas lesiones. Los meta-análisis de estudios sobre asociaciones genéticas son claves para establecer los componentes genéticos de las enfermedades complejas que permitan avanzar en estrategias terapéuticas y diagnóstico clínico temprano.

Objetivo: identificar genes estudiados recientemente y con reconocida relación a cáncer oral por lo cual la presencia de éstos en los DOPM resultaría indicativo de posible conversión a malignos.

Métodos. se siguieron los delineamientos PRISMA, y las bases electrónicas utilizadas fueron: PubMed, Scopus, CancerLit y Cochrane. Se seleccionaron 27 estudios que reunieron los criterios de inclusión/exclusión entre enero de 2004 y diciembre de 2015. Se extrajeron datos de los SNPs bialélicos, odds ratios (ORs) y IC 95%; para valorar la fuerza de asociación entre cada variante genética y la presencia de DOPM. La heterogeneidad fue analizada por la prueba Q y cuantificada por pruebas Tau² y el estadístico I². Se utilizó el paquete *meta* R software 2.15.3.

Resultados

Los 27 estudios sumaron un total de 2915 casos y 4715 controles. Los siguientes polimorfismos se observaron asociados a los DOPM: CYP1A1 (m1/m2), XDP (Gln/Gln), GSTM1 (null), and P53 (intron 6), CIITA (rs6498122), TNFR2 (+587), TNF α (-308), and P53



XXI Reunión Científica del
Grupo Argentino de Biometría
28, 29 y 30 de septiembre de 2016.
Corrientes. Argentina



codon 72, MICA, NAT2 Lys268Arg, NAT2 Gly286Glu, XRCC3 Thr241Met, COX2 -765; G>C, FAS 1377, G>A y FAS 670, A>G.

Conclusiones. Todos los genotipos fueron heterocigotas u homocigotos para la variante polimórfica. Los SNP de los genes mencionados se conocen como asociados a riesgo de cáncer de cabeza y cuello, por lo cual la presencia de estos SNP podrían ser indicativos de mayor riesgo de desarrollo de cáncer.

Palabra-claves: polimorfismos-cáncer oral- precáncer oral-metaanálisis.