

Resumo

O cancro da próstata é a patologia mais comum nos homens sendo a segunda causa de morte em países industrializados. Os factores de risco incluem a idade avançada, a etnia e a existência de antecedentes familiares. Apesar dos estudos já realizados, a determinação genética para o cancro da próstata tem sido uma tarefa complexa. Um método de análise do DNA de modo a procurarem-se genes que possam influenciar o desenvolvimento da patologia em causa é o estudo do material genético por *screening* recorrendo a STR (*Short Tandem Repeats*). Este trabalho teve como objectivo estudar Y-STR e X-STR numa tentativa de se identificarem genes de susceptibilidade para o cancro da próstata. Foram escolhidos estes dois cromossomas uma vez que até à data existem diversas evidências que corroboram a existência de material genético nestes que influencia o desenvolvimento deste tipo de cancro. Para tal, o DNA de 315 indivíduos “normais” (população controlo) e de 281 indivíduos com cancro da próstata (população caso) foi analisado recorrendo a 17 Y-STR (AmpF ℓ STR[®] Y-Filer[™] (Applied Biosystems)) e a 15 X-STR (Argus X-8 (Mentype[®])) e Decaplex-X) utilizados diariamente no âmbito da genética forense. A análise estatística foi realizada recorrendo ao *software* SPSS (versão 13.0, SPSS Inc, 2004). Verificou-se que alguns alelos de determinados *loci* poderão desempenhar um papel protector ou de risco no desenvolvimento desta patologia. Os *loci* em causa (DYS458, DYS393, DYS389II, DYS635, DYS385, DYS448, GATA172D05, DXS9902, DXS8378 e DXS10135) poderão estar em desequilíbrio de *linkage* com genes importantes para a célula, nomeadamente genes que estejam envolvidos no crescimento e na regulação do ciclo celular. Deste modo, através deste trabalho foi possível identificar genes que possam contribuir para o desenvolvimento do cancro da próstata.