

## POLIMORFISMOS GENÉTICOS EN CYP2E1, GSTM1, Y MEH, Y EL RIESGO DE CÁNCER CERVICAL

SIERRA-TORRES, C. H.<sup>1,3</sup>, CAJAS-SALAZAR N.<sup>2,3</sup>, AU. W. W.<sup>1,3</sup>

<sup>1</sup> Departamento de Ciencias Fisiológicas, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad del Cauca. <sup>2</sup> Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Exactas, Naturales y de la Educación, Universidad del Cauca. <sup>3</sup> Departamento de Medicina Preventiva y Salud Comunitaria, Universidad de Texas, Galveston, TX, USA. [hsierraphd@hotmail.com](mailto:hsierraphd@hotmail.com)

La infección con papillomavirus humano (VPH) juega un papel muy importante en la etiología del cáncer cervical (CC). Sin embargo, muchas mujeres infectadas con HPV no desarrollan este cáncer. Por lo tanto, la exposición a otros agentes carcinogénicos puede ser un factor de riesgo importante que contribuye al desarrollo del CC.

### OBJETIVO

Investigar la hipótesis de que los polimorfismos heredados en los genes CYP2E1, GSTM1, y mEH, involucrados en el metabolismo químico del humo del cigarrillo, incrementan significativamente el riesgo de cáncer cervical.

### MÉTODOS

Este estudio de epidemiología molecular se realizó en los Estados Unidos y Venezuela. 300 mujeres fueron reclutadas para el estudio, 114 con neoplasia cervical de alto grado o cáncer invasivo confirmadas histológicamente se seleccionaron como casos y 158 mujeres sanas fueron seleccionadas como controles. Se colectaron células cervicales exfoliadas para detección de VPH de alto riesgo utilizando hybrid capture II, y una muestra de sangre periférica para extracción de ADN y posterior caracterización de polimorfismos genéticos usando un método de PCR-RFLP.

### RESULTADOS

Los casos fueron 44 veces más propensos a ser infectados con VPH que los controles ( $p < 0.001$ ). Mujeres que fumaban  $> 15$  paquetes-año presentaron un riesgo a desarrollar CC de 2.9 veces (95% CI = 1.2-7.0,  $p < 0.05$ ). Los genotipos CYP2E1 variante y GSTM1 nulo no mostraron un incremento significativo en el riesgo por CC. El genotipo mEH variante indujo un incremento significativo en el riesgo por CC de 2.6 veces (95% CI=1.4-4.9,  $p < 0.01$ ) comparado con mujeres con el genotipo mEH silvestre. Aún más importante, los datos demuestran una interacción entre el consumo de cigarrillo y el genotipo mEH variante para incrementar significativamente el riesgo por CC en mujeres fumadoras (3.6 veces) comparado con mujeres no fumadoras con este mismo genotipo (2.8 veces).

### CONCLUSIONES

Nuestro estudio sugiere que las diferencias genéticas en el metabolismo de los químicos del humo del cigarrillo, particularmente en mEH, pueden inducir susceptibilidad al CC. Además, nuestro estudio provee un mejor entendimiento de los diferentes factores que contribuyen al desarrollo del CC en los Estados Unidos y Venezuela.