Genética do fumante

Biologia & Ciências

Enviado por: _aquiasvalasco@seed.pr.gov.br

Postado em:03/04/2008

O câncer de pulmão é o tipo de câncer mais comum, com mais de 1 milhão de novos casos a cada ano no mundo. Enquanto os riscos de fumar são conhecidos, pouco se sabe a respeito dos motivos que fazem com que certos indivíduos estejam mais propensos a adquirir o hábito e, consequentemente, corram maiores riscos de contrair essa e outras doenças.Saiba mais...

Agência FAPESP – O câncer de pulmão é o tipo de câncer mais comum, com mais de 1 milhão de novos casos a cada ano no mundo. Enquanto os riscos de fumar são conhecidos, pouco se sabe a respeito dos motivos que fazem com que certos indivíduos estejam mais propensos a adquirir o hábito e, conseqüentemente, corram maiores riscos de contrair essa e outras doenças. Pesquisadores de diversos países, em três estudos independentes, acabam de anunciar a descoberta de uma relação entre variações na seqüência do genoma humano e a suscetibilidade à dependência de nicotina. A associação de uma determinada região do cromossomo 15, onde se encontram três genes receptores de nicotina, com o risco de contrair câncer de pulmão está descrita em três artigos nas novas edições das revistas Nature e Nature Genetics. Segundo os editores das publicações, os resultados fornecem uma das mais fortes evidências até o momento de que diferenciações do risco de câncer de pulmão são comuns na população em geral. Que o hábito de fumar contribui significativamente para o risco de câncer de pulmão ninguém duvida, mas até agora não se sabia qual era o componente genético envolvido nesse risco. Os três grupos responsáveis pelos estudos agora publicados verificaram que seqüências no aglomerado genético da subunidade do receptor acetilcolina nicotínica contribuem para a suscetibilidade à doença. O grupo liderado por Kari Stefansson, da Faculdade de Medicina da Universidade da Islândia e da empresa Decode Genetics, identificou que os alelos presentes no aglomerado dos genes receptores de acetilcolina nicotínica tiveram influência na quantia de cigarros fumados pelos voluntários, estando também associados com o risco de câncer de pulmão e de doenças arteriais periféricas. Segundo o artigo, por conta da influência no hábito de fumar, a variante no cromossomo 15 implica um aumento de cerca de 30% no risco de câncer de pulmão e de 20% no de contrair doenças arteriais periféricas. Em outro artigo, Paul Brennan, da Agência Internacional de Pesquisas do Câncer, sediada na França, e colegas sugerem que a suscetibilidade não está relacionada com o status ou freqüência do fumante e apontam relação com uma mudança específica em aminoácidos. No terceiro artigo, publicado na Nature Genetics, o grupo coordenado por Christopher Amos, do Centro do Câncer M.D. Anderson da Universidade do Texas, nos Estados Unidos, analisou a hipótese de que as variantes genéticas poderiam aumentar o risco de contrair câncer de pulmão por meio da promoção do hábito de fumar. Entretanto, os cientistas verificaram que a associação com o câncer se mostrou independente do hábito. O principal fator de risco para o desenvolvimento de câncer de pulmão é fumar. Mas o que não entendemos é por que algumas pessoas que fumam há bastante tempo desenvolvem a doença e outras não. Precisamos entender melhor como os fatores genéticos aumentam o risco e que caminhos moleculares estão envolvidos no desenvolvimento do câncer de pulmão”, disse Amos. Os artigos A susceptibility locus for lung cancer maps to nicotinic acetylcholine receptor subunit genes on 15q25, de Paul Brennan e outros, e A variant associated with nicotine dependence, lung cancer and peripheral arterial disease, de Kari Stefansson e outros,

podem ser lidos por assinantes da Nature em www.nature.com. O artigo Genome-wide association scan of tag SNPs identifies a susceptibility locus for lung cancer at 15q25.1, de Christopher Amos e outros, pode ser lido por assinantes da Nature Genetics em www.nature.com/ng.
http://www.agencia.fapesp.br/boletim