

164

**VARIANTES NOS GENES CYP1A2 E COMT, PERFIL LIPÍDICO E TERAPIA DE REPOSIÇÃO HORMONAL.** *Natalia Franken, Maria Celeste Osório Wender, Mara Helena Hutz (orient.) (UFRGS).*

O perfil lipídico de mulheres é influenciado pelos níveis de hormônios sexuais, deste modo, o estudo de variantes genéticas em genes envolvidos no metabolismo dos estrógenos pode ser importante na predição dos riscos/benefícios da terapia de reposição hormonal (TRH). As enzimas do citocromo P450 1A2 (CYP1A2) e catecol-o-metil transferase (COMT) fazem parte do catabolismo do estrógeno. Com o objetivo de analisar a influência das variantes *MfeI* no gene CYP1A2 e Val158Met no gene da COMT em mulheres com diferentes status hormonais, foram coletadas amostras de 118 mulheres na pós-menopausa em uso de TRH por via oral, 166 mulheres na pós-menopausa sem uso de TRH e 187 mulheres no período reprodutivo. Os fragmentos contendo os polimorfismos foram amplificados pela técnica de PCR, clivados com as enzimas de restrição *MfeI* (CYP1A2) e *Hsp92II* (COMT) e os genótipos foram visualizados sob luz ultra-violeta após eletroforese em gel de agarose. As médias dos níveis lipídicos entre os diferentes genótipos foram comparadas por análise de variância (ANOVA) em cada grupo separadamente. O alelo 1do polimorfismo *MfeI* foi encontrado em 50% e o alelo Val da variante Val158Met em 55% dos cromossomos da amostra total. Nenhum efeito estatisticamente significativo sobre os níveis lipídicos foi detectado para os polimorfismos no gene da COMT e CYP1A2 após correção de Bonferroni. Portanto, estas análises indicam que os polimorfismos *MfeI* no gene CYP1A2 e Val158Met no gene da COMT não apresentam influência sobre o perfil lipídico de mulheres com diferentes status hormonal.