



ANÁLISE DA NOTORIEDADE DE METANÁLISES SOBRE POLIMORFISMOS GENÉTICOS RELACIONADAS AO RISCO DE HEPATOCARCINOMA: ACHADOS POR AVALIAÇÃO BAYESIANA¹

André Victor Oliveira Monteiro², Abel Penha Mesquita³, Alessandro Luiz Araújo Bentes Leal⁴, José de Siqueira Amorim Júnior⁵, Ana Carolina Alves de Oliveira⁶, Felipe Rodolfo Pereira da Silva⁷

¹ Projeto de pesquisa desenvolvido na Faculdade de Medicina da Universidade Federal do Pará, Campus de Altamira

² Bolsista de Iniciação Científica do Projeto “Avaliação de variantes em genes de mediadores inflamatórios como potenciais biomarcadores de susceptibilidade ao risco de desenvolvimento de hepatocarcinoma: análise por abordagem Bayesiana” E-mail: andremonteiro9@hotmail.com

³ Bolsista de Iniciação Científica do Projeto “Avaliação de variantes em genes de mediadores inflamatórios como potenciais biomarcadores de susceptibilidade ao risco de desenvolvimento de hepatocarcinoma: análise por abordagem Bayesiana”

⁴ Bolsista de Mestrado do Programa de Pós Graduação em Ciências Biomédicas da Universidade Federal do Delta do Parnaíba, Piauí

⁵ Professor Assistente da Faculdade de Medicina da Universidade Federal do Pará, Campus de Altamira

⁶ Professora Adjunta da Faculdade de Medicina da Universidade Federal do Pará, Campus de Altamira

⁷ Professor Adjunto da Faculdade de Medicina da Universidade Federal do Pará, Campus de Altamira E-mail: feliperodolfo@ufpa.br

Introdução: O carcinoma hepatocelular (HCC) é o segundo tipo de câncer que mais ocasiona óbitos a nível mundial sendo as variantes genéticas um dos fatores de risco para o desenvolvimento da doença. Existem estudos metanalíticos com foco na determinação da associação entre polimorfismos genéticos e o risco da doença, no entanto, há limitações relacionadas à notoriedade dos valores significativos encontrados nos trabalhos levando a resultados falso-positivos. **Objetivos:** Determinar o nível de notoriedade das associações significativas, nas metanálises encontradas, por meio de abordagens Bayesianas. **Metodologia:** Uma busca sistemática foi realizada para metanálises que trouxessem a associação significativa entre polimorfismos genéticos e o risco de HCC em humanos. Os dados foram extraídos conforme formulário padronizado e os cálculos realizados para determinação da notoriedade por meio dos valores da Taxa de Probabilidade de Falso-Positivo (FPRP) onde valores <0,2 foram considerados como notáveis. A qualidade dos estudos foi analisada seguindo os critérios de Veneza e como análise complementar foi construída uma rede gene-gene na plataforma GeneMania (versão 3.3) para avaliar a relação funcional entre os polimorfismos que apresentaram notoriedade. **Resultados:** A busca sistemática resultou em 32 estudos metanalíticos sobre 44 polimorfismos em 34 genes. O total de 1.248 valores de FPRP foram calculados onde setenta e cinco (6,01%) apresentaram-se como notáveis (FPRP<0,2) nos genes *CCND1*, *CTLA4*, *EGF*, *IL6*, *IL12A*, *KIF1B*, *MDM2*, *MICA*, *miR-499*, *MTHFR*, *PNPLA3*, *STAT4*, *TM6SF2* e *XPD*. A avaliação pelo critério de Veneza resultou em oito estudos classificados com alta qualidade, 11 com qualidade intermediária e 22 com baixa qualidade metodológica, cinco estudos não trouxeram dados suficientes para avaliação. A rede gene-gene



mostrou o aumento na interação entre os genes *STAT4* e *MDM2*. **Conclusões:** Esta reavaliação por abordagem Bayesiana demonstrou que os polimorfismos genéticos nos genes acima citados apresentaram notoriedade e podem ser indicados como possíveis biomarcadores para o risco de HCC. **Palavras-chave:** Neoplasias Hepáticas; Variações Genéticas; Biomarcadores. **Agradecimentos:** À Universidade Federal do Pará, no seu Programa de Apoio ao Doutor Pesquisador (PRODOUTOR), pela concessão da bolsa de Iniciação Científica.