

Identificação no genoma de possíveis locais de para dor crônica após

histerectomia O estudo holandês objetivou identificar fatores de risco genético para a dor crônica após a cirurgia de histerectomia, na qual a amostra foi constituída de 425 mulheres que tinham indicação benigna para o procedimento cirúrgico

DOL — Dor On Line · Boletim Científico sobre Dor · ISSN 2446-6670

histerectomia

O estudo holandês objetivou identificar fatores de risco genético para a dor crônica após a cirurgia de histerectomia, na qual a amostra foi constituída de 425 mulheres que tinham indicação benigna para o procedimento cirúrgico.

Do total de pacientes, 10% apresentaram dor crônica pós-operatória grave (pontuação na escala numérica de dor maior que 3) e 9% dor crônica pós-

operatória intermediária (pontuação na escala numérica de dor entre 1 e 3). Foi encontrada associação de polimorfismos de nucleotídeo único dos genes DLG2, FNDL3B, NAV3 e EDNRA com a dor crônica pós-operatória.

Este foi o primeiro estudo a encontrar polimorfismos de nucleotídeo único de genes associado a dor crônica pós-operatória dentro do valor de significância, sendo necessárias análises mais profundas dos genes encontrados como potenciais candidatos.

Referências: Van Reij R, Hoofwijk D, Rutten B, Kenis G, Theunissen M, Ramirez A, et al. Genome-wide Association Analysis Identifies Potential Risk Loci for Chronic Post-Surgical Pain After Hysterectomy. 17º Congresso Mundial sobre Dor da Associação Internacional para o Estudo da Dor, Boston, Estados Unidos, 12-16

de Setembro de 2018.

Alerta submetido em 04/12/2018 e aceito em 04/12/2018.

Fonte: novo.dol.inf.br/materia/identificacao-no-genoma-de-possiveis-locais-de-para-dor-cronica-apos · Conteúdo do Boletim DOL — Dor On Line. Reprodução permitida mediante citação da fonte.

DOL - DOR ON LINE