

O Angiofibroma Nasofaríngeo Juvenil (ANJ) é um tumor vascular e localmente invasivo e, por ocorrer predominantemente em adolescentes do sexo masculino, sugere-se que é uma neoplasia hormônio dependente. Embora seja um tumor bastante raro e de crescimento lento, o ANJ pode progredir para lesões avançadas, tendo sérias seqüelas para seu portador. Por estas razões, este tumor pouco relatado em literatura é um modelo interessante para análise de alterações genômicas e moleculares. Neste estudo foi utilizada a metodologia de hibridação genômica comparativa de alta resolução (HR-CGH) para a triagem de perdas e ganhos cromossômicos em 18 amostras de ANJs. Em nove destes casos, as células endoteliais e os fibroblastos foram isolados por microdissecção a laser e analisados separadamente por HR-CGH. As regiões genômicas consistentemente alteradas foram investigadas em bancos de dados com o objetivo de identificar genes candidatos que pudessem estar relacionados com a etiologia destes tumores. Baseando-se na função e localização, dois genes foram selecionados e validados pela análise de expressão quantitativa em tempo real (qRT-PCR) em 18 amostras de ANJs. Entre os 18 ANJs, foram detectadas 281 regiões genômicas preferencialmente alteradas. A análise dos componentes celulares isolados revelou aproximadamente 90 regiões cromossômicas significativamente alteradas. Os ganhos genômicos foram mais prevalentes nas células endoteliais do que nas células estromais. Regiões consistentes de perdas e ganhos comuns entre as mesmas amostras microdissecadas (dois componentes isolados) e não microdissecadas revelaram concordância de 58%. A análise individualizada dos dois componentes celulares presentes no tumor mostrou diversas regiões significativamente alteradas incluindo 3p, 4q, 8q, 16q e X. Ganhos em 8q21-q22, 4q25 e Xq11.2-q12 foram detectados nos dois componentes celulares. Perdas em 16q22 foram freqüentemente observadas nas células estromais (8/9 casos) e ganhos em 3p21 nas células endoteliais (4/9 casos). Há evidências que o *AR* é ativado a transcrever pela B-catenina e alterações nestes genes tem sido correlacionadas com ANJ. Baseado nos resultados da HR-CGH e em dados da literatura, os níveis de expressão dos genes *B-catenina* e *AR* foram avaliados pela qRT-PCR em 18 ANJ. Em onze casos, foi detectado um alto nível do transcrito *B-catenina*, confirmando os resultados de HR-CGH. A expressão aumentada do gene *AR* foi detectada em seis casos. Foi observada uma correlação positiva entre os níveis de expressão dos genes *B-catenina* e *AR* ($P < 0,0001$, $r = 0,8204$) sugerindo o envolvimento destes genes em ANJ. A expressão aumentada dos transcritos *AR* e *B-catenina* sugere que alterações na via *Wnt/B-catenina* podem estar associadas com o desenvolvimento destes tumores. Além disso, a presença de alterações genômicas consistentes nos dois componentes celulares dos ANJs indica que o estroma tem papel importante na origem ou progressão destes tumores.