PAINEL PARA CÂNCER DE MAMA E OVÁRIOS

O QUE É?

O Painel para Câncer de Mama e Ovários é um exame genético avançado que analisa 37 genes associados a um risco aumentado para o desenvolvimento desses tipos de câncer. Diferente das abordagens de rastreamento convencionais, que detectam a doença após seu surgimento, este teste identifica mutações genéticas herdadas que podem predispor um indivíduo ao câncer, permitindo uma avaliação de risco mais precisa e estratégias de prevenção personalizadas.

A análise desses 37 genes, que incluem os bem conhecidos BRCA1 e BRCA2, além de outros importantes como PALB2, CHEK2, ATM, TP53, CDH1, PTEN, EPCAM e MLH1, aumenta significativamente a possibilidade de identificar a causa genética subjacente ao risco elevado de câncer. Essas informações genéticas são cruciais para determinar o risco individual de desenvolver câncer de mama e/ou ovário, orientar decisões sobre cirurgias profiláticas, como mastectomia ou ooforectomia, e planejar a frequência de exames de rastreamento.

Este exame é especialmente recomendado para indivíduos com histórico pessoal ou familiar de câncer de mama ou ovário em idade jovem, múltiplos casos de câncer na família, ou ocorrência de câncer em homens na família. Também é indicado para aqueles com características atípicas que sugerem uma síndrome de câncer hereditário, como câncer de mama triplo-negativo ou câncer de ovário seroso de alto grau. Os resultados fornecem dados genéticos essenciais para um manejo mais individualizado e um aconselhamento genético familiar, permitindo o rastreamento de outros membros da família em risco.

GENES AVALIADOS

APC ATM BAP1 BARD1 BLM BMPR1A BRCA1 BRCA2 BRIP1 CDH1 CDK4 CDKN2A CHEK2 EGFR EPCAM FANCC FANCM MEN1 MET MLH1 MSH2 MSH3 MSH6 MUTYH NBN NTHL1 PALB2 PMS2 POLD1 POLE PTEN RAD51C RAD51D RECQL RET STK11 TP53 (37)

METODOLOGIA

A análise é realizada por **Sequenciamento de Nova Geração (NGS)**, que permite a leitura detalhada do DNA, incluindo o DNA mitocondrial. Utiliza-se uma tecnologia avançada para capturar e sequenciar as regiões dos genes de interesse. Após o sequenciamento, as informações genéticas passam por uma **análise de bioinformática** robusta, que identifica possíveis alterações (variantes) no DNA. Essas variantes são descritas e **classificadas de acordo com as diretrizes internacionais da ACMG (American College of Medical Genetics and Genomics)**, que orientam a interpretação clínica dos achados.

É importante ressaltar que a precisão do exame depende das informações clínicas fornecidas pelo médico solicitante, fundamentais para a correta interpretação dos resultados.