

BM-A26

Application des approches de la bio-informatique dans la détermination de l'implication du polymorphisme C667T du gène *MTHFR* dans le cancer du col de l'utérus : une méta-analyse

Semmame O., Ziada H., Sedrati K., Gharzouli R.

Laboratoire de Biologie Moléculaire et Cellulaire, Université Frère Mentouri Constantine 1

semnameouarda@gmail.com

Résumé

Le cancer du col de l'utérus (CCU) est un problème de santé publique mondiale. De nombreuses études ont évalué l'effet du polymorphisme C677T du gène *MTHFR* et le risque du cancer du col de l'utérus ainsi que faute d'effectifs suffisants, peu d'entre elles ont fait apparaître un résultat statistiquement significatif. En plus elles ont montré des résultats apparemment contradictoires. Il y a un besoin croissant d'approches informatique et statistique pour l'analyse des données des différentes études souvent très complexes. La méta analyse est l'ensemble des étapes statistiques utilisant des logiciels d'informatique permettant la synthèse quantitative des résultats venant de différentes études de la façon la plus rigoureuse. L'objectif de ce travail est d'établir une méta-analyse pour obtenir des conclusions significatives à partir des études publiées ce qui amplifie la puissance statistique, mais aussi d'expliquer la variabilité des résultats entre les différentes études.

Un total de 7 études cas-témoins pertinentes publiées de 2010 jusqu'à 2022 ont été incluses dans notre méta-analyse (1050 cas et 1364 témoins). Les données extraites ont été analysées statistiquement via le logiciel *Comprehensive meta analysis 3.0* et des odds ratios avec des intervalles de confiance à 95 % ont été utilisés pour estimer la force de l'association.

Les résultats de notre étude montrent une association non significative entre le polymorphisme étudié et le CCU et cela dans tous les modèles (l'allèle muté avec l'allèle sauvage T vs C : OR= 1,06, IC 95 %= 0,94-1,19, $p = 0,33$; l'homozygote CC vs TT : OR = 1, IC 95 %= 0,76-1,3, $p = 0,99$; l'hétérozygote CC vs CT : OR=1.16, IC 95 %= 0,98-1,37, $p = 0,07$; le modèle dominant CC vs CT+TT : OR= 1,12, IC 95 %=0,96-1,32, $p = 0,13$ et le modèle récessif CC+CT vs TT : OR=0.93, IC 95 %= 0,72-1,19, $p = 0,57$). De même, l'analyse de sous-groupes stratifiés par origine ethnique n'a montré aucune association significative dans chaque modèle génétique chez les populations asiatiques ou caucasiennes.

En conclusion, notre méta-analyse suggère que le polymorphisme C677T du gène de la *MTHFR* est peu susceptible d'être corrélé avec le CCU dans la population générale, en outre l'ethnicité n'est pas une source d'hétérogénéité des résultats. Des analyses informatiques et statistiques des résultats sont souvent nécessaires pour vérifier la répartition des données obtenues et s'assurer de la leurs probabilités.

Mots-clés : Bio-informatique, Cancer du col de l'utérus, Polymorphisme C677T, Gène *MTHFR*.