

ESTUDO DA ASSOCIAÇÃO DO POLIMORFISMO T102C (rs6313) DO GENE *HTR2A* COM FIBROMIALGIA

DIAS, Carolina^{1,2}; MERINO, Amanda S.^{2,3}; ALVES, Camila Fernanda S.^{2,4}; CAUMO, Wolnei⁴; SIMON, Daniel^{2,3}.

Palavras-chave: fibromialgia, polimorfismo genético, serotonina, receptor 5-HT_{2A}.

A fibromialgia (FM) é uma síndrome caracterizada por dor crônica musculoesquelética difusa e um espectro de sintomas sistêmicos, cuja prevalência global varia de 2-8%. A doença acomete principalmente mulheres e seu diagnóstico é clínico, baseado em pontos dolorosos e nos demais sintomas. A etiologia é incerta, mas já foi demonstrado que desencadeantes ambientais, neuropsíquicos e genéticos estão envolvidos. A fisiopatologia da FM envolve processamento da dor alterado. A serotonina (5-hidroxitriptamina, 5-HT) é um neurotransmissor chave no sistema nervoso central (SNC), que exerce importante papel na depressão e na modulação da dor, através de sua sinalização que desempenha funções antidepressivas e antinociceptivas. Um dos principais reguladores do sistema serotoninérgico é o receptor 5-hidroxitriptamina 2A (5-HT_{2A}), que é amplamente distribuído pelo SNC e é codificado pelo gene *HTR2A*. Estudos prévios reportaram associação de polimorfismos do gene *HTR2A* com dor crônica, incluindo fibromialgia, entretanto os resultados dos estudos são contraditórios. O presente estudo tem por objetivo analisar a associação do polimorfismo T102C (rs6313) do gene *HTR2A* com fibromialgia. Foi realizado um estudo de caso e controle, com 108 pacientes mulheres com diagnóstico prévio de FM (critérios do *American College of Rheumatology*) e 108 doadoras de sangue voluntárias (grupo controle). Dados sociodemográficos e clínicos das participantes foram obtidos através de questionários estruturados. As análises genéticas foram feitas por meio da reação em cadeia da polimerase (PCR) em tempo real utilizando sondas alelo-específicas. A idade média do grupo FM foi de 50,2 ± 9,5 anos. Conforme esperado, níveis de ansiedade e depressão foram significativamente diferentes entre casos e controles. A maior parte das pacientes FM (87%) apresentou níveis clinicamente relevantes de sensibilização central (score total ≥ 40). Não foram observadas diferenças nas frequências alélicas ou genótípicas entre os grupos FM e controle para o polimorfismo estudado. A frequência do alelo C nas pacientes com FM foi de 62,0% e no grupo controle foi de 54,6% ($p=0,118$). Os resultados sugerem que polimorfismo T102C do gene *HTR2A* não está associado com FM. O estudo terá continuidade com a análise da associação do polimorfismo com endofenótipos característicos da FM (sensibilização central, resiliência emocional, ansiedade, sintomatologia depressiva, catastrofização da dor, qualidade do sono, impacto da síndrome da FM na qualidade de vidas das pacientes).

¹ Curso de Ciências Biológicas, Universidade Luterana do Brasil (ULBRA);

² Laboratório de Genética Molecular Humana, ULBRA;

³ Programa de Pós-Graduação em Biologia Celular e Molecular Aplicada à Saúde (PPGBioSaúde), ULBRA;

⁴ Laboratório de Dor & Neuromodulação, Hospital de Clínicas de Porto Alegre (HCPA)

e-mail: diiascarol@gmail.com; daniel.simon@ulbra.br