



Ciências Biológicas

ANÁLISE DO PADRÃO DE METILAÇÃO DO GENE MAOA EM AMOSTRAS CELULARES HUMANAS FEMININAS E MASCULINAS

Mangiavacchi PM, Mendonça MS, Álvaro Fabrício Lopes Rios, Thalita Barreto Sarlo

Mecanismos epigenéticos têm sido associados à variabilidade fenotípica em diversas espécies, inclusive em humanos. Um exemplo clássico de mecanismo epigenético que pode afetar a variabilidade fenotípica, podendo estar associado até mesmo à etiologia de algumas doenças é a Inativação do cromossomo X em fêmeas de mamíferos (XCI). Esse mecanismo consiste no silenciamento de um dos cromossomos X em células femininas pela ação de fatores epigenéticos como a metilação do DNA. Alguns genes presentes no cromossomo X parecem estar associados ao estabelecimento de padrões de comportamento em humanos. Um polimorfismo do tipo VNTR (Variable Number of Tandem Repeats) próximo à região promotora do gene MAOA (Monoamino oxidase) tem sido associado a perfis de alto índice de agressividade em indivíduos portadores do mesmo. No entanto, não é conhecido ainda se esse tipo de polimorfismo pode afetar fatores associados regulação do gene MAOA, como por exemplo, a metilação do DNA. Objetivos: O objetivo é utilizar a técnica de MSRE-qPCR para o estudo do padrão de metilação do DNA em diferentes tecidos: sangue, epitélio bucal e bulbo capilar. Métodos: Para quantificação da metilação do DNA foi utilizado o protocolo de Methylation Sensitive Restriction Enzyme assay – quantitative PCR (MSRE-qPCR). A extração do DNA analisada foi realizada segundo o protocolo de Sambrook (1989). Para o protocolo MSRE-qPCR foi utilizado de 1-35 ng de DNA genômico e 2U de enzima de restrição sensível a metilação – Acil. Resultados: Apesar de supostamente a regiões 5' de genes ligados no cromossomo X apresentarem 50% de metilação do DNA (correspondente ao X inativo), não foi encontrado esse tipo de diferença nas amostras analisadas no presente estudo. A porcentagem de metilação entre os sexos variou de 11 a 13 % na região analisada. Conclusão: Os resultados obtidos demonstram que a região estudada não apresenta diferenças de metilação em amostras de DNA derivadas de células XX e XY.

Palavras-chave: Epigenética, Metilação do DNA, gene MAOA

Instituição de fomento: UENF