

Trabalho apresentado no 24º CBCENF

Título: INFLUÊNCIA DE MECANISMOS EPIGENÉTICOS NO DESENVOLVIMENTO DA ESQUIZOFRENIA

Relatoria: Luisa Eduarda Sales Araújo

Stefany da Silva Doroteu

Autores: Ana Lúvia Pereira de Azevedo

Francisca Nellie de Paula Melo

Alessandro Aparecido Rodrigues da Silva

Modalidade: Comunicação coordenada

Área: Inovação das práticas de cuidado

Tipo: Pesquisa

Resumo:

Introdução: A esquizofrenia e outros transtornos psicóticos são condições psiquiátricas altamente debilitantes que carecem de uma etiologia clara e exibem herança poligênica sustentada por genes pleiotrópicos. Estudos apontam para a interação entre genes predisponentes e exposição ambiental. Pesquisas sugerem que a regulação epigenética do genoma pode mediar interações dinâmicas gene-ambiente ao nível molecular, modulando a expressão de fenótipos psiquiátricos por meio de fatores de transcrição. **Objetivo:** Correlacionar os efeitos de fatores epigenéticos (modificações de histonas, metilação de DNA e microRNA) que podem levar ao desenvolvimento da esquizofrenia. **Metodologia:** Análise de estudos envolvidos com o tema em questão. As bases de dados utilizadas foram PubMed e ScienceDirect, com os descritores "epigenetics", "esquizofrenia" e "methylation". **Resultados e Discussão:** Os estudos de metilação diferencial do DNA até o momento mapearam as principais vias de neurotransmissores. Por exemplo, os promotores dos genes da reelina (RELN) e da descarboxilase do ácido glutâmico (GAD1), componentes da via do ácido γ -aminobutírico-érgico, são hipermetilados na esquizofrenia. Além disso, a via da serotonina também foi implicada, com hipermetilação do promotor do gene do receptor de serotonina tipo 1 (HTR1A). As modificações pós-traducionais (PTMs) das proteínas histonas também têm efeitos significativos na regulação epigenética de distúrbios neuropsiquiátricos e esquizofrenia. Estudos sobre os níveis de histona PTM na esquizofrenia encontraram níveis aumentados da marca de histona repressiva H3K9me2 que foi correlacionada com a idade de início, bem como resistência ao tratamento quando esta posição foi acetilada. **Conclusão:** Os resultados obtidos demonstraram que alterações na metilação do DNA, assim como a metilação anormal em locais específicos do genoma estão relacionados com o surgimento de esquizofrenia, evidenciando a necessidade de se compreender aspectos epigenéticos que podem auxiliar a realização de diagnósticos precoces e tratamentos potencialmente eficazes.