

**Estudo da associação do SNP C-11377G do gene da adiponectina com variáveis demográficas e socioeconômicas numa amostra da coorte de 1982**

Autor(es): Wagner, M.; Silva, L.P.; Lopes, P.T.; Nunes, A.P.; Minten, G.C.; Silveira, V.M.F.; Gigante, D.P.; ;Horta, B.L.; Oliveira, I.O.

Apresentador: Mônica Silveira Wagner

Orientador: Isabel Oliveira de Oliveira

Revisor 1: Beatriz Helena Gomes Rocha

Revisor 2: Denise Calisto Bongalhardo

Instituição: Universidade Federal de Pelotas

Resumo:

O gene que codifica a proteína adiponectina, secretada pelos adipócitos (no tecido adiposo), possui vários polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs), os quais estão associados com resistência à insulina e a doença diabetes do tipo dois (2). O SNP -11377 da região promotora corresponde a uma substituição da base nitrogenada C pela G. O objetivo central do presente estudo foi observar e avaliar a associação do SNP C-11377G numa amostra de dois mil duzentos e vinte e um (2.221) indivíduos da coorte de nascidos no município de Pelotas- RS, no ano de 1982 com variáveis demográficas (sexo e cor) e socioeconômicas (renda familiar, escolaridade materna e do indivíduo). O DNA genômico dos indivíduos foi obtido por extração salina de leucócitos do sangue venoso periférico (com autorização prévia dos participantes), e a análise genética foi feita pela técnica de reação em cadeia da polimerase (PCR) seguida de restrição enzimática com a enzima HhaI (PCR-RFLP). Os genótipos foram analisados e classificados em 3 grandes grupos: grupo 1(CC), homozigoto para o alelo selvagem; grupo 2 (CG), heterozigoto; grupo 3 (GG), homozigoto para o alelo mutado. A análise estatística foi realizada pelo teste do Qui-quadrado (χ^2), onde não demonstrou associação significativa entre o genótipo e as seguintes variáveis: renda em tercís (pearson= 0,160); escolaridade do adolescente (pearson = 0,855) e escolaridade materna (pearson = 0,576) em anos. Por outro lado, foi observada uma associação bastante significativa entre o SNP C-11377G e a variável cor autoreferida em 3 categorias (branca; preta/parda; amarela) onde o genótipo CC foi mais frequente em indivíduos de cor preta/parda (correspondendo a 68,0%) em comparação aos indivíduos de cor branca (correspondendo a 55,9%) e amarela (correspondendo a 60,5%), $p=0,001$. Sabendo-se que existem diferenças étnicas nas associações gene-doença, espera-se que os resultados encontrados nesse presente estudo possam melhor caracterizar nossa população alvo e, dessa forma, contribuir nas investigações dos mecanismos fisiopatológicos das doenças crônicas e complexas como o diabetes, tão recorrente atualmente.

Apoio: FAPERGS, CNPq, Wellcome Trust