



## SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA XXVIII SIC

paz no plural



<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2016: SIC - XXVIII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2016
<b>Local</b>	Campus do Vale - UFRGS
<b>Título</b>	O papel do Complexo SNARE na susceptibilidade à Dependência de Álcool
<b>Autor</b>	CIBELE EDOM BANDEIRA
<b>Orientador</b>	CLAITON HENRIQUE DOTTO BAU

Título do Trabalho: O papel do Complexo SNARE na susceptibilidade à Dependência de Álcool

Nome do Autor: Cibele Edom Bandeira

Nome do Orientador: Prof. Dr. Claiton Henrique Dotto Bau

Nome da Instituição: Universidade Federal do Rio Grande do Sul

Diversos transtornos psiquiátricos estão associados a alterações no sistema de neurotransmissão. Tal liberação de neurotransmissores depende da devida interação de diversas proteínas e formação de complexos, destacando-se o complexo SNARE (*Soluble NSF-Attachment Protein Receptors*). As principais proteínas formadoras do complexo são SNAP-25, Sintaxina-1A, VAMP-2 e a proteína regulatória Sinaptotagmina-1. Polimorfismos nos genes codificadores de tais proteínas já foram associados à Dependência de Álcool (alcoolismo), transtorno com elevada prevalência e etiologia multifatorial. Visando testar o efeito de variações nos genes do complexo SNARE sobre a susceptibilidade ao alcoolismo, foram selecionados seis polimorfismos para investigação (*SNAP25* rs6108461 e rs8636; *STX1A* rs2228607; *VAMP2* 26 pb Ins/Del; *SYT1* rs1880867 e rs2251214). O estudo contou com 115 homens dependentes de álcool, em tratamento no Hospital Espírita de Porto Alegre, e 308 doadores de sangue do Hospital de Clínicas de Porto Alegre. Adicionalmente, testamos a replicação dos achados em uma subamostra de 278 adultos do sexo masculino com Transtorno de Déficit de Atenção/Hiperatividade (TDAH), com e sem dependência de álcool. Todos os indivíduos incluídos eram brancos de descendência europeia. O DNA foi extraído a partir de sangue periférico utilizando o método de *salting-out*. A genotipagem do polimorfismo do *VAMP2*, uma inserção/deleção, foi realizada através de PCR convencional seguida de visualização no gel de agarose, enquanto os demais polimorfismos foram genotipados por *Real Time* PCR (discriminação alélica Taqman). Todos os testes estatísticos foram realizados através dos programas PLINK, v1.07, e SPSS, v18.0, considerando idade como covariável. Na análise de caso-controle, utilizamos regressão logística binomial em um modelo manual *backward stepwise*, mantendo apenas variáveis significativas no modelo final. Foi observado um efeito do polimorfismo *VAMP2* 26 pb Ins/Del ( $p = 0.029$ ) e um efeito de interação entre os polimorfismos *STX1A*-rs2228607 e *SNAP25*-rs8636 ( $p = 0.018$ ). Esse resultado foi replicado subsequentemente na amostra de indivíduos com TDAH ( $p = 0.009$  para efeito do 26 bp Ins/Del e  $p = 0.037$  para efeito de interação entre rs2228706 e rs8636). Nossos resultados corroboram achados anteriores sobre um papel de genes do complexo SNARE na susceptibilidade a transtornos psiquiátricos, bem como a importância de considerar interações epistáticas em estudos genéticos. São necessários mais estudos para confirmar e melhor elucidar o papel de genes do complexo SNARE na susceptibilidade ao alcoolismo. Tais estudos devem incluir preferencialmente polimorfismos não representados pelas atuais plataformas de GWAS, bem como efeitos de interação.