

229

PAPEL DO POLIMORFISMO GLY482SER NO GENE PGC-1 NA PATOGÊNESE DO DIABETES MELLITUS TIPO 2. Gabriel de Souza Macedo, Luis Henrique Canani, Daisy Crispim Moreira (orient.) (UFRGS).

O diabetes mellitus tipo 2 (DM2) é observado em 90 a 95% dos casos de DM e é caracterizado por uma hiperglicemia crônica causada por um desbalanço entre a ação e secreção de insulina. Um dos inúmeros polimorfismos que parecem estar associados ao DM2 é o polimorfismo Gly482Ser (A/G) do gene PGC-1 α . O co-ativador transcricional PGC-1 α tem um papel importante na ativação do PPAR γ (*peroxisome proliferator-activated receptor-g*) e do PPAR- α , regulando a homeostase energética no tecido adiposo e músculo esquelético e a oxidação dos ácidos graxos pela mitocôndria, tornando-se um gene candidato para o DM2. Sendo assim, o presente trabalho do tipo caso-controle tem por objetivo avaliar o papel do polimorfismo Gly482Ser no gene PGC-1 α na patogênese do DM2. Até o presente momento, foram estudados 228 pacientes com DM2 e 154 indivíduos normoglicêmicos (controles) pertencentes a um estudo multicêntrico em andamento no RS. A genotipagem do polimorfismo Gly482Ser foi feita pela técnica de PCR-RFLP, com visualização dos resultados da clivagem em gel de agarose 2%. As análises estatísticas foram feitas no programa SPSS 15.0 e PEPI 4.0 e um $p < 0,05$ foi considerado significativo. As frequências genotípicas observados foram 12, 3% AA, 48, 7% AG e 39, 0% de GG no grupo de pacientes e 11, 0% AA, 50, 6% AG e 38, 4% de GG no grupo controle ($p=0,903$), estando de acordo com aquelas previstas pelo equilíbrio de Hardy-Weinberg. O alelo G (Ser) foi observado em 63, 4% dos pacientes com DM2 e em 63, 6% do grupo controle ($p=0,942$). Nossos resultados preliminares indicam que o polimorfismo Gly482Ser no gene PGC-1 α não é um importante fator de risco para o DM2 na população caucasóide do sul do Brasil. Um número amostral maior será avaliado para excluirmos ou não o papel desse polimorfismo na patogênese do DM2.