

RESUMO - GENÉTICA HUMANA, MÉDICA E FARMACOGENÉTICA

**ANÁLISE EXPERIMENTAL DE MICRORNAS COMO FERRAMENTAS NO  
RASTREIO MOLECULAR DO TRANSTORNO DO ESPECTRO AUTISTA**

*Yago Henrique Xavier Dantas (ra189562@ucdb.br)*

*Ana Carolina Delmondes De Freitas (carolinadelmondes20@gmail.com)*

*Samira Naama Souza Silva (naamasouza033@gmail.com)*

*Marcos Fernandes Morales (marcos.morales221b@live.com)*

*Alinne Castro (rf3003@ucdb.br)*

Pesquisas recentes em biomarcadores envolvidos com Transtorno do Espectro Autista (TEA) destacam microRNAs, participando da regulação gênica de vias sinápticas essenciais ao neurodesenvolvimento.

À vista disso, microRNAs são constituídos de 22-23 nucleotídeos, mensuráveis em fluídos

corporais como saliva, demonstrando serem promissores no processo de coleta

de amostra biológica para análise em pacientes com TEA. O microRNA

destacado na literatura de vias sinápticas pertinentes ao neurodesenvolvimento, é o

hsa-miR-23a-3p, ao ser analisado em relação aos genes regulados dentro de banco

de dados “KEGG” (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes), corresponde às

vias de projeção axional e sinalização MAPK (Proteína quinase ativada por mitógeno), influenciando processos como crescimento, proliferação e apoptose celular. Com isto, foram analisados os padrões de hsa-miR-23a-3p salivares de 2 grupos de indivíduos: um grupo com 6 indivíduos de 18-33 anos com

diagnóstico para TEA e um grupo com 6 indivíduos de 18 a 33 anos, compondo o

grupo controle (ausência de diagnóstico). Utilizando a quantificação via RT-qPCR, e

como controle endógeno UniSp6, coletamos amostra de saliva via swab em três

tempos mensuráveis em inicial: (T0), 30 dias (T1) e 60 dias (T2). Os dados de expressão foram obtidos pela fórmula de  $2^{-\Delta\Delta Ct}$ , com teste estatístico de Mann-

Whitney, considerando  $p < 0.05$ . Os resultados indicam baixa variância entre expressão de miR-23a-3p em pacientes com TEA nos períodos analisados ( $S^2 =$

1.00), mas uma expressão elevada quando comparado ao grupo controle ( $FC = 10.75$ ;  $p = 0.009$ ), assim elucidando a diferença mensurável das biomoléculas entre

os dois grupos e possibilitando, como base analítica, a possibilidade de usar n amostral pequeno e com presença de pontos fora da curva, resultando num valor

significativo de  $p < 0.004478$ , demonstrando relevância e validação metodológica.

Portanto, este estudo demonstra possibilidade da integração de metodologias de

biomarcadores estáveis no rastreio do TEA para auxiliar o diagnóstico precoce.

Palavras-chave: tea; micrornas; saliva; biomarcadores.