

DISTRIBUIÇÃO DOS POLIMORFISMOS DOS GENES COMT E BDNF EM MULHERES COM FIBROMIALGIA: RESULTADOS PRELIMINARES

COELHO, MARIANA LENTINO¹; GOMES, Júlia¹; VENTURINI, Caroline Leffa¹; MOREIRA, Andrea Janz²; CAUMO, Wolnei¹;

Fundamentação/Introdução: A Fibromialgia (FM) é uma síndrome complexa caracterizada por dor musculoesquelética generalizada, fadiga, distúrbios do sono e déficits cognitivos. Sua fisiopatologia envolve disfunções na modulação dolorosa e sensibilização central. Atualmente, a investigação de polimorfismos genéticos busca compreender a variabilidade clínica da FM. Destacam-se os genes da Catecol-O-Metiltransferase (COMT), enzima crucial na degradação de catecolaminas, e do Fator Neurotrófico Derivado do Cérebro (BDNF), proteína essencial para a plasticidade neuronal e modulação da dor.

Objetivos: Avaliar a distribuição percentual das variantes genéticas dos genes COMT (rs2097903) e BDNF (rs6265) em uma amostra de indivíduos diagnosticados com FM.

Delineamento e Métodos: Estudo de base populacional brasileira com 1.100 participantes. A coleta de dados ocorreu via questionário online com instrumentos validados: Escala Numérica de Dor (NRS), Questionário de Impacto da Fibromialgia (FIQ), Inventário de Sensibilização Central (CSI), Escala de Pensamentos Catastróficos (PCS) e Questionário de Saúde do Paciente (PHQ-9). A genotipagem foi realizada a partir de amostras sanguíneas. O estudo foi aprovado pelo CEP/HCPA nº 2023-0210.

Resultados: Os dados referem-se a um conjunto inicial de 97 mulheres (média de $52,9 \pm 9,7$ anos), com escores médios de $20,1 \pm 4,6$ no ACR 2016, $66,7 \pm 12$ no CSI e $35,8 \pm 11,2$ no PCS. Quanto ao perfil genético: COMT: Observou-se frequência de 26,7% para os homozigotos AA (Met/Met) e TT (Val/Val), e 46,7% para o heterozigoto AT (Val/Met). O genótipo AA reflete uma redução de 3 a 4 vezes na atividade enzimática. BDNF: Verificou-se 69,1% para o genótipo CC (Val/Val), 27,8% para CT (Val/Met) e 3,1% para TT (Met/Met). Aproximadamente 31% da amostra apresentou o alelo T (Met), associado a menor secreção de BDNF.

Conclusões/Considerações Finais: Os resultados preliminares identificaram variantes genéticas que impactam a atividade enzimática e a neuroplasticidade, potencialmente influenciando o processamento da dor. A continuidade do estudo permitirá correlacionar tais perfis aos fenótipos clínicos e à sensibilização central, visando terapias mais individualizadas na FM.

Palavras-chave: Fibromialgia; Polimorfismo genético;

1 Universidade Federal do Rio Grande do Sul - Porto Alegre - RS - Brasil

2 Laboratório de Dor e Neuromodulação do Hospital de Clínicas de Porto Alegre - Porto Alegre - RS - Brasil