

O autismo clássico, juntamente com os outros transtornos do espectro, apresenta alterações qualitativas na interação social, nas habilidades de comunicação e presença de comportamentos e interesses estereotipados e repetitivos. Embora diversas evidências apontem alterações neurológicas e genéticas, não existe ainda um marcador biológico definido. No entanto, alterações epigenéticas podem estar envolvidas, assim como alterações nos padrões de expressão de microRNA, responsáveis pela regulação da expressão gênica. Dessa forma, esse estudo tem como objetivo avaliar o perfil de expressão de 26 microRNA em amostras de sangue de 8 pacientes com autismo clássico do gênero masculino com idade entre 5 e 10 anos e comparar com o perfil de expressão de 8 indivíduos típicos da mesma faixa etária. Após a obtenção da amostra, o sangue com anticoagulante foi misturado com o reagente Trizol e estocado em freezer -80°C para posterior extração de RNA total. A síntese de cDNA foi realizada com a utilização de primer multiplex com oligonucleotídeos miRLoop específicos para o conjunto de microRNA. Reações de PCR em tempo real foram realizadas através do sistema SYBR Green, utilizando um oligonucleotídeo que é microRNA específico e um oligonucleotídeo complementar contendo uma sequência universal presente no oligonucleotídeo utilizado para a síntese dos cDNA. A análise dos resultados mostrou diferenças estatisticamente significativas no perfil de expressão de 3 microRNA entre os grupos estudados, sendo necessário ampliar o número amostral e avaliar novas moléculas de microRNA. O perfil de expressão de microRNA pode ser uma estratégia promissora para o desenvolvimento de exames diagnósticos e tratamentos mais específicos. Fontes financeiras: FIPE/HCPA,CNPq,CAPES,IBN-NET,PROPESq/UFRGS