

ANÁLISE *IN SILICO* DA FUNÇÃO DE MicroRNAs NA ANOREXIA NERVOSA

MATIAS, Natasha Passos¹; PAIVA, Elis da Mata Bernardes¹, MOREIRA, Marina Conceição dos Santos¹, SOUSA, Thais Amaral^{1*}

¹Instituto Federal de Goiás, Campus Formosa.

*thais.sousa@ifg.edu.br

A anorexia nervosa é caracterizada como um distúrbio envolvendo graves alterações do comportamento alimentar e podendo causar alterações biológicas, psicológicas e sociais estando associadas a um aumento de morbidade e mortalidade. Apesar da frequente associação com fatores familiares e socioculturais, diversos estudos têm apontado para a importância da atuação de fatores genéticos e epigenéticos. MicroRNAs (miRNAs) são pequenas moléculas de RNA endógenas, que regulam a expressão gênica e desempenham papéis importantes em diversos processos fisiológicos. Alterações de expressão dessas moléculas estão relacionadas a diversas patologias. Entretanto, ainda não há estudos significativos sobre a participação de miRNAs na anorexia nervosa. Este trabalho teve como objetivo principal avaliar, por meio de análises *in silico*, o possível envolvimento de miRNAs na predisposição e no desenvolvimento da anorexia nervosa. Inicialmente, foi realizada uma pesquisa bibliográfica exaustiva para identificar os miRNAs com expressão diferencial relacionada à anorexia nervosa. Posteriormente, foram realizadas análises *in silico*, utilizando o programa TargetScan Mouse 7.2, para predição dos potenciais mRNAs alvos dos miRNAs selecionados. Após a identificação e seleção dos genes potencialmente alvos com *score* mais significativos, foram realizadas novas pesquisas bibliográficas sobre a relação destes genes e a anorexia nervosa, metabolismo, distúrbios alimentares e/ou transtornos psiquiátricos com o intuito de compreender a função dos miRNAs estudados no desenvolvimento da anorexia nervosa. Foram encontrados na literatura miRNAs associados a transtornos psiquiátricos, como *miR-335-5p*, *miR-21-5p/590-5p*, *miR-361-5p* e *miR-557*. O *miR-340* foi descrito como associado a anormalidades placentárias e maior vulnerabilidade à anorexia ao regular genes como *Nr3c1*, *Cry2* e *H3f3b*. Nossas análises identificaram os genes *Gm8773*, *Srl* e *Tgr5* como principais mRNAs alvos preditos do *miR-21-5p/590-5p*. Sabe-se que o *Srl* está envolvido na regulação do metabolismo e o sistema imunológico. TGR5 é uma proteína G conhecida como reguladora do metabolismo periférico que atua reduzindo a ingestão de alimentos e diminuindo a liberação de peptídeos que estimulam o apetite, como AgRP e NPY. O *Gm8773* está envolvido na regulação de processos metabólicos, é altamente expresso no hipotálamo, e sua administração mostrou atividade orexígena em camundongos obesos. Podemos ressaltar a potencial regulação do gene *Gm8773*, pelo *miR-21-5p/590-5p*, que pode influenciar a regulação do apetite via leptina no hipotálamo, e sua modulação tem potencial para ser estudada como uma possível abordagem

terapêutica para a anorexia. O envolvimento de miRNAs é uma nova face no estudo da anorexia nervosa. Concluímos que o *miR-21-5p* pode estar envolvido no desenvolvimento da anorexia nervosa pela regulação dos mRNA dos genes *Gm8773*, *Srl* e *Tgr5*. Porém, ainda são necessários mais estudos para uma melhor compreensão da sinalização molecular desta patologia, especialmente quanto ao envolvimento de miRNAs.

Palavras-chave: MicroRNAs; Expressão Gênica; Anorexia Nervosa.

Agradecimentos: O presente trabalho foi realizado com apoio do Instituto Federal de Goiás (nº 18/2023). Matias, Natasha Passos, agradece ao CNPq pela bolsa concedida.