

LIMIARES DE DOR, NÍVEIS SÉRICOS E VARIANTES GENÉTICAS DE SEROTONINA EM FIBROMIALGIA: UMA ASSOCIAÇÃO DE BASE FAMILAR.

Thielly Amaral Mesquita de Moura¹, Andressa de Souza^{2,3}

¹ Acadêmica do curso de Fisioterapia da Universidade La Salle, Canoas, Brasil. (thielly.moura0464@unilasalle.edu.br).

² Programa de Pós Graduação em Ciências Médicas, Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS), Porto Alegre, Brasil.

³ Laboratório de Dor e Neuromodulação, Hospital de Clínicas de Porto Alegre (HCPA-UFRGS), Porto Alegre, Brasil.

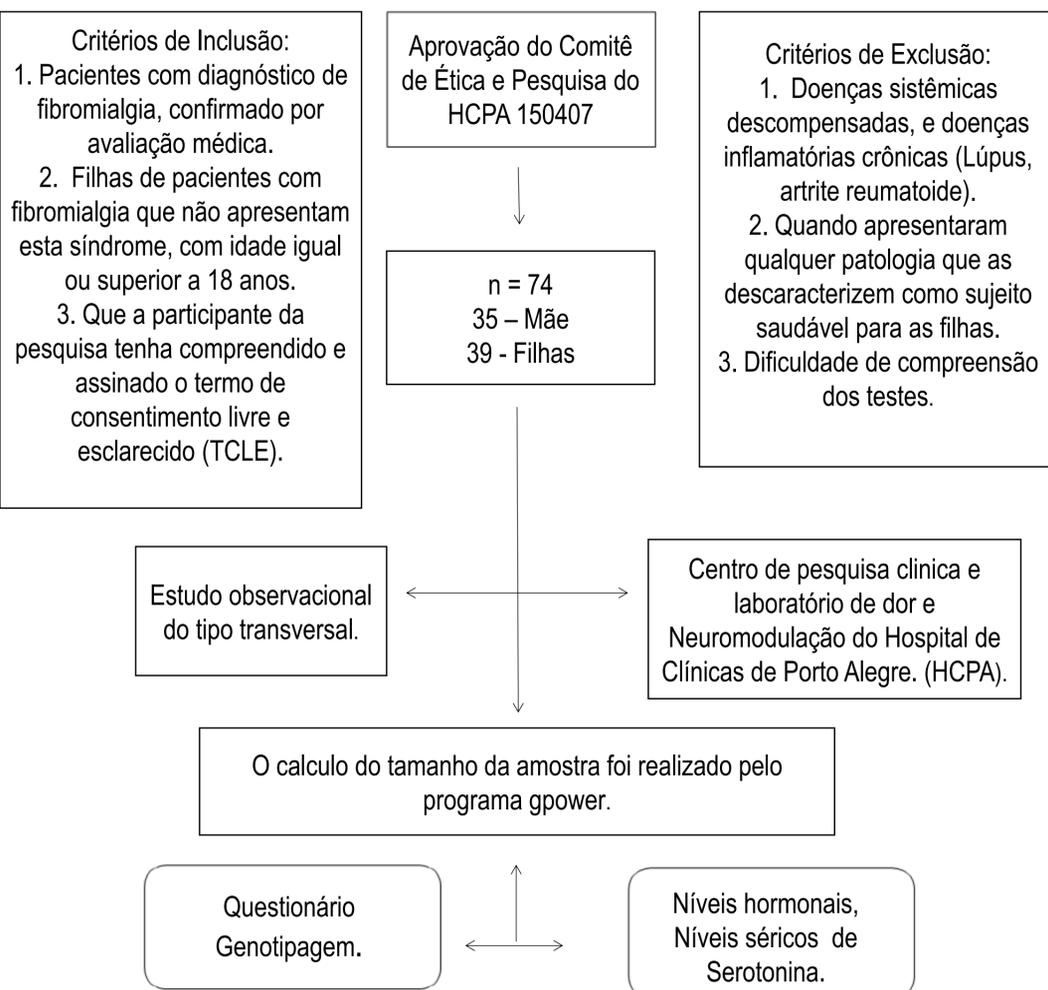
INTRODUÇÃO

- A principal manifestação é a dor musculoesquelética difusa e crônica.
- A falta de compreensão da base biológica desta condição, também confunde a capacidade para desenvolver intervenções eficazes e/ou monitorar a progressão da doença.
- Sua etiologia ainda não foi elucidada, porém o mecanismo patológico mais discutido é o de uma alteração na percepção da dor medida por neurotransmissores excitatórios e inibitórios no Sistema Nervoso Central, aspectos genéticos e situações de estresse.

OBJETIVO

Este estudo teve como objetivo investigar a associação entre limiares de dor, níveis séricos e polimorfismos de serotonina em pacientes com fibromialgia e suas filhas.

METODOLOGIA



Comparações entre variáveis categóricas foram realizadas usando testes de qui-quadrado ou exato de Fisher. Para todas as análises o nível de significância estatística para o erro alfa estabelecido foi um $P < 0,05$ bicaudal. As análises foram processadas usando o SPSS.

RESULTADOS

Tabela 1 – Características epidemiológicas e clínicas da amostra de acordo com o grupo.

Variável	Mães (n=35)	Filhas (n=39)	Valor P*
	Mediana (25 th ; 75 th)	Mediana (25 th ; 75 th)	
Idade (anos)	55,00 (52,00-60,00)	30,00 (24,00-35,00)	<0,001
Índice de massa corporal (kg/m ²)	28,89 (25,95-31,08)	24,09 (22,15-27,59)	<0,001
Educação formal (anos de estudo)	9,00 (7,00-12,00)	13,00 (12,00-15,00)	0,001

Teste de Mann Whitney. Fonte: Autoria própria, 2016

Tabela 2 - Algometria, QST, CPM e EAV segundo os grupos.

Variável	Mães (n=35)	Filhas (n=39)	Valor P*
	Mediana (25 th ; 75 th)	Mediana (25 th ; 75 th)	
Algometria	3,10 (1,85-4,01)	2,50 (2,00-3,25)	0,221
QST (limiar de calor)	35,90 (33,40- 37,70)	34,4 (33,20-35,80)	0,038
QST (limiar de dor ao calor)	42,40 (37,50-45,50)	41,50 (38,8-43,10)	0,286
QST (tolerância)	53,30 (47,10-51,40)	48,00 (46,20-49,50)	0,055
CPM	-0,70 (-2,70; 0,00)	-2,35 (-3,67; -0,70)	0,003
EAV	7,00 (6,00-8,00)	6,00 (2,00-8,00)	0,007

QST- Teste Sensorial Quantitativo, CPM- *Conditional Pain Modulation*, EAV- Escala Analógica Visual.

*Teste de Mann Whitney. Fonte: Autoria própria, 2016.

Tabela 3 - Níveis de Estradiol e Serotonina na amostra.

Variável	Mães (n=35)	Filhas (n=39)	Valor P*
	Mediana (25 th ; 75 th)	Mediana (25 th ; 75 th)	
Serotonina pg/mL	327,65 (197,11-412,29)	417,7 (109,87- 486,96)	0,060
Estradiol pg/mL	5,00 (5,00-5,00)	60,00 (23,95- 85,35)	<0,001

Teste de Mann Whitney. Fonte: autoria própria, 2016

Tabela 4 – Características do Polimorfismo 5HT2A na amostra

Polimorfismo 5HT2A	Mães (n=35)	Filhas (n=39)
C/C (%)	28,6 % (10)	25,7% (9)
T/T (%)	25,7% (9)	17,1% (6)
C/T (%)	45,7% (16)	57,1% (20)

Valores descritos em %. Teste de Qui-Quadrado, $P = 0,578$. Fonte: Autoria própria, 2016

DISCUSSÃO E CONCLUSÃO

Os resultados demonstraram um CPM com uma atividade menos eficiente do sistema de modulação descendente nas mães. Níveis séricos de serotonina não apresentaram diferença significativa, enquanto o estradiol sim, $P < 0,001$, com valores maiores nas filhas. A análise dos polimorfismos do gene do 5-HT2A demonstrou frequências de 28,6%, 25,7 e 45,7% para os genótipos C/C, T/T e C/T respectivamente, no grupo mães, e de 25,7%, 17,1% e 57,1%, no grupo de filhas, sem diferenças significativas nos três genótipos entre os grupos. Apesar da FM ser composta por múltiplas características que refletem em uma diversidade de causas, sendo a genética apontada como um importante fator, o estudo concluiu que o polimorfismo do receptor 5-HT2A da serotonina não parece estar envolvido diretamente nos mecanismos de desenvolvimento da síndrome, assim, considerando seus fatores poligênicos novos estudos são necessários pois o entendimento da genética.