

## POLIMORFISMOS GENÉTICOS DE BASE ÚNICA (SNPS) EM GENES RELACIONADOS ÀS VIAS DE MORTE CELULAR

Danilo Santana Rodrigues<sup>1</sup>, Iago Ribeiro Souza Silva<sup>1</sup>, Rayane Rodrigues da Cruz<sup>2</sup>, Fernanda Assis Lozado<sup>3</sup>, Theolis Barbosa Bessa<sup>4</sup> e Clarissa Cunha Santana<sup>5</sup>

1. Discente do Curso de Medicina da UESB/BA
2. Discente do Curso de Farmácia da UESB/BA
3. Discente do Curso de Biologia da UESB/BA
4. Tecnologista em Saúde Pública, Instituto Gonçalo Moniz
5. Prof. Assistente, UESB/BA

As vias de morte celular são fundamentais para a manutenção da homeostase, equilibrando a sobrevivência celular com a necessidade de eliminar células danificadas e infectadas. O desfecho de doenças pode ser influenciado pelo tipo de morte a qual as células são submetidas, como na tuberculose (TB). Assim, buscamos listar os polimorfismos genéticos de base única (SNPs) em genes de vias de morte, visando estruturar um banco de dados genéticos que contribua com informações de variantes que impactem no curso de doenças, especificamente a Tuberculose. Para tal, realizamos uma revisão sistemática da literatura no PUBMED, utilizando termos específicos relacionados a SNPs e vias de morte celular. Dos 799 artigos encontrados, 608 foram selecionados, seguindo os critérios de elegibilidade. Os resultados encontrados até aqui apontam a apoptose e a autofagia entre as vias de morte mais representadas pelos genes investigados. Dos 210 genes listados até o momento, ATG5, ATG16L1, IRGM, PD-1 e NOD2 foram os mais evidenciados e as variantes investigadas tenderam a impactar negativamente nas doenças, inclusive na TB. Dessa forma, sugerimos que variantes genéticas em vias de morte impactam diretamente a clínica das doenças, especialmente as infecciosas, porquanto o destino das células pode favorecer a eliminação de patógenos.

**Palavras-chaves:** Variabilidade genética, Morte celular, SNPs.

Bibliografia consultada:

HAN, J. et al. Association of ATG5 gene polymorphism with Parkinson's disease in a Han Chinese population. **Acta Neurologica Belgica**, v. 122, n. 4, p. 1049–1056, ago. 2022.

HE, J. et al. Association of PI3K/AKT/mTOR pathway autophagy-related gene polymorphisms with pulmonary tuberculosis susceptibility in a Chinese population. **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical**, v. 56, p. e0104-2023, 2023.

NEWTON, K. et al. Cell death. **Cell**, v. 187, n. 2, p. 235–256, jan. 2024.

WANG, F. et al. Genetics and Functional Mechanisms of STAT3 Polymorphisms in Human Tuberculosis. **Frontiers in Cellular and Infection Microbiology**, v. 11, p. 669394, 7 jul. 2021.