

**EXPRESSÃO GÊNICA DAS ISOFORMAS I E II DA 5 $\alpha$ -REDUTASE EM FOLÍCULOS PILOSOS DE ESCALPO DE HOMENS E MULHERES NORMAIS E HIPERANDROGÊNICAS.** *Cíntia Lhullier, Isabel O Oliveira, Ilma S.B. da Silva, Poli Mara Spritzer* (Depto. de Fisiologia, UFRGS, Unidade de Endocrinologia Ginecológica, Serviço de Endocrinologia, HCPA-Porto Alegre).

A enzima 5- $\alpha$  redutase é responsável pela transformação da testosterona em 5- $\alpha$  dihidrotestosterona, principal androgênio intracelular. Duas isoformas desta enzima são descritas, 5- $\alpha$  redutase I (5- $\alpha$  RI), com distribuição preferencial na pele e 5- $\alpha$  redutase II (5- $\alpha$  RII), na próstata. O objetivo deste trabalho é avaliar a expressão gênica destas enzimas em células de folículo piloso de homens e mulheres normais e de pacientes hiperandrogênicas. Folículos pilosos foram arrancados da região do vértice do escalpo de 6 mulheres normais, voluntárias (G1) (26 $\pm$ 6 anos), de 9 pacientes hiperandrogênicas (G2) (24 $\pm$ 8 anos) e de 8 homens voluntários (G3) (21 $\pm$ 5 anos). O RNA total de células dos folículos pilosos foi extraído com TRIZOL<sup>®</sup> (GIBCO). A análise semi-quantitativa do RT-PCR foi baseada na relação gene alvo/ gene da  $\beta$ -microglobulina. O RNA total de células prostáticas humanas dissociadas foi utilizado como controle positivo. Não foi observada expressão da 5- $\alpha$  RII em nenhum dos grupos estudados. A expressão da 5- $\alpha$  RI, por outro lado, foi similar nos 3 grupos: G1=0,73 $\pm$ 0,15, G2=0,83 $\pm$ 0,11 e G3=0,77 $\pm$ 0,13. Os resultados negativos da expressão gênica da 5 $\alpha$ -RII confirmam dados da literatura que apontam as células da papila dérmica como principal sítio de ação desta isoforma, as quais não são encontradas em folículos pilosos arrancados. Além disso, a ausência de regulação da 5- $\alpha$  RI pelos androgênios, observada no presente estudo, indica que a expressão desta enzima é maior nas glândulas sebáceas do que nos queratinócitos presentes no folículo piloso. O modelo desenvolvido pode ser útil para testar outras enzimas envolvidas com o metabolismo de androgênios (Fapergs, CNPq /UFRGS).