

22<sup>o</sup> Encontro de  
Iniciação Científica  
da UENF14<sup>o</sup> Circuito de  
Iniciação Científica  
do IFFluminense10<sup>a</sup> Jornada de  
Iniciação Científica  
da UFFIX  
Congresso  
Fluminense de  
Iniciação Científica e  
TecnológicaII  
Congresso  
Fluminense de  
Pós-Graduação17<sup>a</sup> Mostra de  
Pós-Graduação  
da UENF2<sup>a</sup> Mostra de  
Pós-Graduação  
do IFFluminense2<sup>a</sup> Mostra de  
Pós-Graduação  
da UFF

Ciência, tecnologia e inovação no Brasil: desafios e transformações

## POLIMORFISMOS EM GENES RELEVANTES PARA A MODULAÇÃO DA RESPOSTA IMUNE EM PACIENTES COM HANSENÍASE

Rebeka da Conceição Souza<sup>1</sup>, Letícia Silva Nascimento<sup>1</sup>, Edilbert Pellegrini Nahn Junior<sup>2</sup>, Alba Lucínia Peixoto Rangel<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Estadual do Norte Fluminense, <sup>2</sup>Faculdade de Medicina de Campos

A hanseníase é uma doença que afeta pele e nervos periféricos, causada pelo *Mycobacterium leprae*. É classificada pela diversificação no curso clínico da infecção, que varia de uma doença paucibacilar, na qual poucos bacilos estão presentes, a uma doença multibacilar em que muitos bacilos estão presentes nas lesões. As formas clínicas variam de acordo com a resposta imune desenvolvida, *Th1* ou *Th2* que confere proteção ou susceptibilidade, respectivamente. A maioria dos infectados pelo *M. leprae* não desenvolve a doença, que pode ser explicado pela dependência de fatores genéticos e imunológicos para determinar a resistência e susceptibilidade. Este estudo tem como objetivo investigar polimorfismos de nucleotídeo único em genes importantes da resposta imune do hospedeiro contra *M. leprae*, como *IFNG*, *IFNGR1*, *TLR9*, *TNFA* e *P2X7*, associando-se com as formas clínicas da doença. SNPs dos genes candidatos foram selecionados: *IFNG*\_rs2430561, rs3181035, rs2069718, *IFNGR1*\_rs1327474, *TLR9*\_rs352140, *TNFA*\_rs1800629, rs1799964, *P2X7*\_rs1718119, rs2393799, rs3751143. Pacientes com um diagnóstico de hanseníase foram recrutados para participar deste estudo caso controle. Um total de 207 indivíduos controles e 207 pacientes foram incluídos, dos quais 35% são dimorfa, 33% são virchowiana, 25% são tuberculóide e 7% são indeterminadas. Foi observada uma predominância de indivíduos do sexo masculino(65%) em relação ao sexo feminino(35%), o que corrobora com a OMS, que apesar da doença afetar ambos os sexos, homens são frequentemente mais afetados que as mulheres, com proporções de 2:1 respectivamente. Quando comparada a forma virchowiana em ambos os sexos observamos que o maior número de pacientes do sexo masculino é estatisticamente significativo em relação as mulheres( $p=0,0012$ ). A idade média dos pacientes é de 45 anos(desvio padrão=18,9). Amostras de sangue periféricas foram coletadas a partir desses pacientes e controles após a leitura e concordância em participar da pesquisa. O DNA genômico foi extraído e armazenado a -20 °C até à sua utilização. Análises genéticas pelo método de SNaPshot estão sendo realizadas até à presente data. Espera-se que, no final deste trabalho possamos propor marcadores biológicos de valor preditivo para o desenvolvimento de formas clínicas da hanseníase.

**Palavras-chave:** *Mycobacterium leprae*, Resposta imune, Polimorfismo.

**Instituição de Fomento:** FAPERJ, CAPES, CNPq, UENF.