



Associação das variantes genéticas do gene *CR1* com a manifestação das diferentes formas clínicas da hanseníase no município de Campos dos Goytacazes

Letícia Silva Nascimento, Rebeka da Conceição Souza, Liliani de Souza Elias, Rita de Cássia Mothé Escocard, Alba Lucínia Peixoto Rangel

A Hanseníase amplamente conhecida como lepra é uma doença crônica causada pelo bacilo *Mycobacterium leprae*. O receptor CR1 encontra-se expresso na superfície de uma diversidade de células tais como eritrócitos, monócitos, leucócitos, macrófagos e células de Langerhans. A relevância clínica para essas funções de CR1 foram mostradas por associações entre doenças e níveis de expressão de CR1 na superfície de eritrócitos. Em hanseníase, a forma clínica lepra lepromatosa foi há muitos anos atrás relacionada com marcada redução na expressão de CR1 sobre os eritrócitos dos pacientes em comparação aos pacientes com lepra tuberculóide e aos controles saudáveis. Considerando o importante papel de CR1 na ativação do complemento e imunidade inata, polimorfismos no gene *CR1* podem estar influenciando na redução ou aumento da expressão da molécula CR1 em eritrócitos e leucócitos e, conseqüentemente, contribuindo para suscetibilidade ou resistência ao desenvolvimento de diferentes formas clínicas da doença. Neste sentido, este trabalho tem como objetivo verificar a associação entre *tag* SNPs no gene *CR1* e a manifestação das diferentes formas clínicas da hanseníase em pacientes e indivíduos controles de Campos dos Goytacazes por meio de estudo caso-controle. Para tanto, 232 amostras de sangue periférico de indivíduos portadores das diferentes formas clínicas da hanseníase tiveram seu DNA extraído pelas técnicas de *salting out* e CTAB, de acordo com o tipo de amostra fresca ou congelada, respectivamente. As amostras de DNA foram dosadas por nanodrop e armazenadas a - 20 °C para uso nas futuras análises genéticas. Paralelamente, a partir da literatura científica, foram selecionados os SNPs do gene *CR1* a serem analisados, e posteriormente, observado as suas localizações e freqüências no NCBI. O desenho dos iniciadores para amplificação e extensão das sequências que contém os SNPs rs6656401, rs7525160 e rs9429942 a serem analisados por SNaPshot está em andamento. Espera-se que ao final deste trabalho possamos propor CR1 como marcador biológico de valor preditivo ao desenvolvimento das formas clínicas da hanseníase.

Palavras-chave: Hanseníase, CD35, SNP.

Instituição de fomento: FAPERJ, UENF