FREQUÊNCIA DOS GENÓTIPOS DE ABCA1 EM PACIENTES COM HEPATITE C QUE APRESENTAM DIFERENTES CARACTERÍSTICAS CLÍNICAS

Raíssa Maria Figueiredo Viturino[1], Juliene Antônio Ramos[1], Maria Beatriz Campos Castro da Costa Guedes[1], Luísa Hoffmann[1].
luisa.hoffmann@ifrj.edu.br

A infecção pelo vírus da hepatite C (HCV) é um problema de saúde global que apresenta fases progressivas de piora da doença hepática. A interação com o metabolismo lipídico do hospedeiro é uma importante característica desta infecção viral. A proteína ABCA1, presente na membrana plasmática das células hepáticas, regula o efluxo de colesterol, essencial para a biossíntese da lipoproteína de alta densidade (HDL). Embora visto em estudos anteriores que o HCV inibe ABCA1, seu papel na hepatite C é pouco explorado, diferentemente de doenças cardiovasculares. Desta forma, é importante preencher essa lacuna, compreendendo a diversidade genética de ABCA1 em populações, como a brasileira, para correlacionar genótipos com a progressão da doença e resposta ao tratamento. O trabalho busca analisar as frequências dos genótipos em rs2066714 e rs2230808 no gene ABCA1 em pacientes com hepatite C crônica tratados no Rio de Janeiro. Foram coletadas amostras de 109 pacientes e dados clínicos e laboratoriais foram adquiridos dos registros médicos. Foi feita a extração de DNA genômico do sangue total e o soro foi utilizado para análise do perfil lipídico. A genotipagem dos polimorfismos em ABCA1 foi realizada por PCR e sequenciamento de Sanger. As análises estatísticas irão correlacionar a frequência genotípica e aspectos clínicos dos pacientes. Os dados mostraram que 83% possuem HCV genótipo 1, 61% não responderam ao tratamento, 62% têm fibrose leve (F1/F2 METAVIR) no pré-tratamento e 48% dos pacientes tinham carga viral elevada no pré-tratamento. As dosagens lipídicas mostraram que 65% dos pacientes estavam com colesterol total acima dos valores de referência e 82% estavam com os níveis de HDL inferior ao valor de referência. Até o presente momento foram feitas todas as amplificações das amostras para os polimorfismos estudados. As frequências genotípicas foram: 58% TT, 37% CT e 5% CC para o rs2066714 (n= 89 pacientes) e 48% CT, 36% CC e 16% TT para o rs2230808 (n= 89 pacientes). Estão sendo feitas análises de associação entre os genótipos e características clínico-laboratoriais. A pesquisa contribuirá para uma melhor compreensão do papel da ABCA1 na infecção crônica pelo HCV, identificando potenciais biomarcadores prognósticos e abrindo caminhos para novas abordagens terapêuticas baseadas na genética do hospedeiro.

Palavras-chave: hepatite C; HCV; polimorfismo.
Área de conhecimento Ciências da Saúde.

Financiamento: IFRJ, CNPq e FAPERJ