

FREQUÊNCIAS ALÉLICAS E GENOTÍPICAS DAS VARIANTES rs12979860 E rs368234815 DO GENE *IFNL4* EM PACIENTES COM HEPATITE C DE UM HOSPITAL DE REFERÊNCIA DA REGIÃO NORTE DO BRASIL

Carolina Cabral Angelim¹, Álessom Adam Fonseca Andrade¹, Letícia Dias Martins^{1,2}, Raissa Lima Corrêa¹, Renata Santos de Sousa³, Simone Regina Souza da Silva Conde⁴, Izaura Maria Vieira Cayres Vallinoto³, Antonio Carlos Rosário Vallinoto³, Rosimar Neris Martins Feitosa³ e Greice de Lemos Cardoso Costa¹

¹ Laboratório de Genética Humana e Médica, Universidade Federal do Pará.

² Programa de Pós-Graduação em Virologia, Instituto Evandro Chagas.

³ Laboratório de Virologia, Universidade Federal do Pará.

⁴ Faculdade de Medicina, Instituto de Ciências da Saúde, Universidade Federal do Pará.

Introdução: O vírus da hepatite C (HCV) afeta mais de 71 milhões de indivíduos em todo o mundo que evoluem de formas variadas à doença. Parte dessa variabilidade se deve aos polimorfismos em genes que codificam citocinas de ação antiviral, como o interferon lambda 4 (IFN- λ 4). Esta citocina atua protegendo o epitélio respiratório, intestinal e hepático sendo codificada pelo gene *IFNL4*. Estudos clínicos em diferentes populações identificaram que as variantes rs12979860-C/T e rs368234815- Δ G/TT desse gene estão fortemente associadas à depuração do HCV, resposta virológica sustentada ao tratamento com ribavirina/pegIFN α e complicações no quadro clínico. Nesse sentido, avaliar a frequência genética dessas variantes em pacientes da população miscigenada de uma instituição de referência em Belém pode elucidar quais grupos respondem melhor à infecção por HCV e quais podem ter um quadro clínico mais severo. **Objetivos:** Estimar as frequências alélicas das variantes rs12979860 e rs368234815 do gene *IFNL4* em pacientes com hepatite C atendidos na Fundação Santa Casa de Misericórdia do Pará (FSCMPA). **Metodologia:** Após autorização do estudo pelo comitê de ética da instituição e assinatura do termo livre e esclarecido pelos participantes da pesquisa, foram coletados 4 mL de sangue venoso em sistema a vácuo, armazenados a 4°C até o processamento amostral. A extração de DNA foi feita com o kit QiaAmp DNA da Qiagen®, seguido de PCR em tempo real para genotipagem dos rs12979860 e rs368234815 segundo instruções do fabricante. As frequências genotípicas foram estimadas por simples contagem. **Resultados:** A amostra foi composta de 38 pacientes com hepatite C, sendo 17 mulheres e 21 homens. Para a variante rs12979860, 36,84% dos indivíduos eram homozigotos TT e 63,16% eram heterozigotos TC. Para rs368234815, 34,21% dos pacientes eram homozigotos Δ G/ Δ G, 42,11% heterozigotos Δ G/TT e 23,68% homozigotos TT/TT. As frequências das variantes rs12979860 e rs368234815 na amostra de pacientes com hepatite C são semelhantes às de bancos de dados públicos que apresentam trabalhos em populações continentais e se assemelham também à população miscigenada (sem hepatite C) de Belém, PA. Serão realizadas análises futuras a fim de investigar associações dessas variantes à resposta dos pacientes e propor se esses polimorfismos são importantes para estudos clínicos ou se as distribuições dessas frequências são resultado apenas do processo de formação da população da região Norte do Brasil. **Conclusão:** Os portadores de HCV atendidos na Fundação Santa Casa possuem perfil predominante heterozigoto (rs12979860-T/C e rs368234815- Δ G/TT), com frequências semelhantes à população miscigenada da região Norte do país.

Palavras-Chave: IFNL4; frequência; populações; SNP; HCV

E-mail: carolinacabralangelim@gmail.com

Apoio Financeiro: CAPES