

Relação entre o polimorfismo rs3740720 do gene do FADD com o desenvolvimento da dengue hemorrágica

Pablo C. S. Farias¹; Ernesto T. A. M. Júnior¹; Bartolomeu A. Santos¹

¹*Laboratório de Virologia e Terapia Experimental (LaViTE) - Departamento de Virologia – Centro de Pesquisas Aggeu Magalhães (CpqAM - Fiocruz) - Av. Professor Moraes Rego, s/n Cidade Universitária - Recife - PE – Brasil - CEP: 50.670-420
e-mail: cantalice.pablo@gmail.com*

A dengue é considerada um dos maiores problemas de saúde pública no mundo e sua prevalência tem aumentado drasticamente nas últimas décadas. Nos últimos 50 anos foi observado um aumento de 30 vezes na incidência da dengue em todo o globo. Estimativas apontam que 124 países sejam endêmicos e sofram anualmente com cerca de 70 a 500 milhões de casos de infecções por esta arbovirose. Visto que muitos relatos sugerem que haja influência do componente genético na susceptibilidade ao agravamento da doença, o objetivo deste trabalho foi de observar a presença do polimorfismo alélico no gene FADD (rs1131715, 3'UTR) na nossa coorte de dengue, e relaciona-lo com o desenvolvimento de Febre Hemorrágica da Dengue. Foi realizado um estudo de coorte composto por 144 pacientes voluntários, sendo 75 com dengue clássica e 69 com dengue clássica complicada da cidade do Recife-PE. A estes voluntários foram solicitadas amostras de sangue, das quais foi feita a extração de DNA genômico das células periféricas do sangue (PBMCs). As amostras de DNA foram amplificadas por PCR, reveladas por meio da eletroforese em gel de agarose, posteriormente sequenciadas em sequenciador automático e devidamente genotipadas. Para avaliação da relação de risco com o agravamento da doença, foi realizado o teste de Fisher. Foram encontrados 2 alelos, T (ancestral) e C (variante), os quais foram submetidos à contagem simples. Para o teste de Fisher foi encontrada uma *Odds Ratio* de 2,7 e um *p value* de 0,05288. A OR indicou uma chance de 2,7 vezes do genótipo ancestral CC ser resistente à dengue grave em comparação ao genótipo variante TT. Este valor indica que as chances para o agravamento da doença estão associadas ao alelo variante T, possivelmente associado à alterações na regulação pós-transcricional da molécula tornando-a mais expressa.

Palavras-chave: Genética Humana. Vírus Dengue. Polimorfismo.

Apoio: CNPq