

Busca de fatores genéticos associados à leishmaniose mucosa em escala genômica utilizando microarranjos de DNA

Kátia P. Filipin¹; Lilian M. Cantanhêde²; Gabriel E. M. Ferreira³; Henrique Krieger³; Claudino L. de Souza⁴; Ricardo de G. M. Ferreira^{1,3}

¹Fundação Universidade Federal de Rondônia - UNIR, Campus Br – 364, Km 9,5, 76801-059, Porto Velho, RO, Brasil. E-mail: katiapfilipin@gmail.com. ²Instituto Oswaldo Cruz, 21040-360, Rio de Janeiro, RJ, Brasil. ³Fiocruz Rondônia, BR – 364, Km 3,5, Bairro lagoa, 76812-245, Porto Velho, RO, Brasil. ⁴Centro de Medicina Tropical de Rondônia – Cemeton, Av. Guaporé 450, 78909 - 350, Porto Velho, RO, Brasil.

As Leishmanioses são doenças infecciosas causadas por parasitas protozoários do gênero *Leishmania*, é considerada uma doença de difícil entendimento, podendo gerar uma diversidade de aspectos clínicos. A distribuição dessa doença a tornou um problema de saúde pública mundial afetando diversos países. A Leishmaniose Tegumentar (LT) tem amplo espectro clínico, que varia de lesões de pele, únicas ou múltiplas, localizadas principalmente em áreas descobertas do corpo a lesões mucosas, que são consideradas formas evolutivas da doença. Os fatores que contribuem para o agravamento da lesão cutânea inicial parecem dependentes principalmente da espécie do parasita envolvida e de fatores genéticos e imunológicos do hospedeiro. O presente trabalho propõe avaliar aspectos genéticos do hospedeiro associados ao fenótipo clínico da leishmaniose mucosa, pela busca de polimorfismos (*Single Nucleotide Polymorphism* - SNP) que possam estar relacionados com o agravamento da doença, utilizando uma plataforma robusta, com capacidade de analisar simultaneamente 250 mil sítios distribuídos por todo o genoma humano. O estudo é do tipo caso – controle, com um grupo de 30 amostras de pacientes com lesão mucosa (caso) e um grupo com 30 amostras de pacientes com lesão cutânea (controle), utilizando a metodologia de Mapeamento Gene Chip da Affimetrix[®]. Até o momento foram processados 29 chips, sendo 15 de pacientes com lesões mucosas e 14 com lesões cutâneas. Os dados de sondas e intensidades foram sumarizados no programa AGCC. Os arquivos gerados para cada indivíduo foram exportados para leitura no programa *Genotyping Console GTC* para organizar os conjuntos resultantes de dados, mostrando os atributos das amostras e intensidades. O *QC Call Rate* das amostras processadas encontra-se dentro do limite indicado pelo fabricante. A partir dos dados obtidos nos experimentos, espera-se fornecer importantes informações sobre o papel de fatores genéticos do hospedeiro envolvidos na evolução dos quadros clínicos da LT.

Palavras-chave: Leishmaniose mucosa, SNP, microarranjos de DNA.

Apoio: CAPES, CNPq, Fiocruz - RO.