

Relação entre o polimorfismo rs1131715 (T9219C) do gene do FADD e o desenvolvimento da dengue hemorrágica

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

¹Laboratório 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, este trabalho teve como objetivo observar a presença do polimorfismo alélico no gene FADD na nossa coorte de dengue para o SNP T9219C (3'UTR, rs1131715), previamente identificado como participante no desenvolvimento de dengue grave, e relacioná-lo ao desenvolvimento de Febre Hemorrágica da Dengue. Foi realizado um estudo de coorte composto por 163 pacientes voluntários, sendo 88 com dengue clássica e 75 com dengue clássica complicada da cidade do Recife-PE. A esses voluntários foram solicitadas amostras de sangue, das quais foi feita a extração de DNA genômico das células periféricas do sangue. As amostras de DNA foram amplificadas por PCR, sendo reveladas através de 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 1,53 e um *p value* de 0,2045. A *Odds Ratio* indicou uma chance de 1,53 vezes do genótipo ancestral homocigoto TT ser susceptível ao agravamento da dengue em comparação aos outros genótipos obtidos, TC e CC. Este valor indica que as chances para o agravamento da doença para o genótipo ancestral é maior com relação aos outros, porém não alcançando significância estatística.

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

Apoio: CNPq