

Relação de risco entre combinações de haplótipos dos polimorfismos rs1131715 (T9219C) e rs3740720 (+60) e o desenvolvimento da dengue hemorrágica: uma comparação geral

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 principais problemas de saúde pública do mundo, e sua prevalência vem aumentando drasticamente nas últimas décadas. É uma infecção aguda causada por arbovírus do gênero *Flavivirus*, transmitido por vetores do gênero *Aedes*. São conhecidos atualmente quatro sorotipos virais distintos, cujas manifestações da doença podem variar de formas assintomáticas a formas mais graves de febre hemorrágica da dengue (FHD) e síndrome do choque da dengue (DSS) que podem levar ao óbito. Visto que muitos relatos sugerem que haja influência do componente genético na susceptibilidade ao agravamento da doença, o presente trabalho teve como objetivo observar a presença de polimorfismos alélicos no gene FADD na nossa coorte de dengue para o SNP T9219C (3'UTR, rs1131715) e seu vizinho rs3740720 (+60 pb), e relacionar esses SNPs na forma de haplótipos com o desenvolvimento de FHD. Foi realizado um estudo de coorte composto por 144 pacientes voluntários, sendo 75 com dengue clássica (DC) e 69 com dengue clássica complicada (DCC) 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 (PBMCs). 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. A avaliação das combinações de haplótipos foi feita através do *software* Arlequin 3.5.1.2, comparando simultaneamente o genótipo de haplótipo ancestral com todos os outros obtidos. O teste de Fisher apontou uma *Odds Ratio* de 1, e um *p value* também resultando em 1, sendo portanto não significativo. Os valores resultantes indicam nenhuma relação dos haplótipos ancestrais TC/TC com o desenvolvimento da dengue grave em relação aos outros haplótipos obtidos, pois não possuem significância estatística.

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

Apoio: CNPq