

# A utilização da metabonômica no diagnóstico das hepatites B e C em pacientes com e sem alterações das enzimas hepáticas

Joelma Carvalho Santos<sup>1</sup>; Tássia Brena Barroso Carneiro da Costa<sup>2</sup>;  
Andrea Dória Batista<sup>1,3</sup>; Michele Maria Goncalves de Godoy<sup>3</sup>; Izolda Maria  
Fernandes de Moura<sup>1,3</sup>; Ricardo Oliveira Silva<sup>2</sup>; Edmundo Pessoa de  
Almeida Lopes<sup>1,3</sup>

<sup>1</sup>Programa de Pós-graduação em Medicina Tropical, Universidade Federal de Pernambuco (UFPE), 50670-901 Recife, PE, Brasil. Email: Joelma.carvalho04@yahoo.com; <sup>2</sup>Departamento de Química Fundamental, Universidade Federal de Pernambuco (UFPE), 50670-901 Recife, PE, Brasil; <sup>3</sup>Hospital das Clínicas, Universidade Federal de Pernambuco (UFPE), 50670-901 Recife, PE, Brasil.

O desenvolvimento de testes diagnósticos que complementem as ferramentas atuais na prática clínica é importante no seguimento de indivíduos com hepatite viral crônica. Assim, a metabonômica mostra-se como uma estratégia por fornecer padrões de metabólitos endógenos em amostras biológicas, caracterizando um perfil de identificação. O objetivo do estudo foi construir um modelo metabonômico (MM) baseado em ressonância magnética nuclear de próton (RMN de <sup>1</sup>H) para diferenciar indivíduos com infecção crônica pelo HBV e HCV, independente das enzimas hepáticas. Utilizou-se soro de 196 indivíduos com HBV, HCV e imunes ao HBV (grupo controle), coletados no período de 2012-2015, no ambulatório de hepatologia do HC-UFPE. Os espectros de RNM de <sup>1</sup>H foram obtidos utilizando-se o equipamento VARIAN Unity Plus. Os MM foram processados utilizando a Análise Discriminante Linear e OPLSDA, a partir da matriz de escores da Análise de Componentes Principais. A significância estatística foi determinada por Validação Cruzada e pela aplicação do Teste F, usando o software *Statistica* 10. Dos 196 pacientes incluídos, 32,6% apresentavam infecção crônica pelo HBV, 49,5% pelo HCV e 17,9% eram controles. 65 pacientes (33,2%) apresentavam uma das 3 enzimas elevadas ( $\geq 1,5x$  valor normal), sendo 42 (21,4%) AST, 29 (14,8%) ALT e 41 (20,9%) GGT. Em 131 indivíduos (66,8%) as 3 enzimas eram normais. Houve diferença entre a mediana dos níveis enzimáticos de infectados pelo HCV quando comparados ao HBV ( $p < 0,0001$ ) e controles ( $p < 0,0001$ ). No entanto, não houve diferença entre HBV e controles. No MM construído comparando HCV/HBV e controles, observou-se S=77%, E=80% ( $p < 0,0001$ ), HBV e controles: S=80%, E=79,7% ( $p < 0,0001$ ), HCV e controles: S=83,5%, E=71,4% ( $p < 0,0001$ ), e enzimas alteradas e normais: S=64,6%, E=78,6%, ( $p < 0,0001$ ). O MM se mostrou eficaz na diferenciação de pacientes com hepatite B ou C e controles, independente das enzimas hepáticas, constituindo-se um método promissor para uso na prática clínica.

**Palavras-chave:** metabonômica, enzimas hepáticas, hepatites virais.

**Apoio:** Capes.