



Trabalhos Científicos

Título: Variantes Genéticas Relacionadas A Resposta Inflamatória Como Fator De Risco Para Asma Alérgica

Autores: FERNANDO AUGUSTO DE LIMA MARSON (UNICAMP); CARMEN SILVIA BERTUZZO (UNICAMP); TÂNIA ARAÚJO KAWASAKI (UNICAMP); LUCIANA MONTES REZENDE (UNICAMP); JOSÉ DIRCEU RIBEIRO (UNICAMP)

Resumo: Objetivos: Verificar o perfil genético de pacientes com asma alérgica(AA), considerando genes, e seus polimorfismos, relacionados a resposta inflamatória. Métodos: Incluídos 221 pacientes com AA com diagnóstico clínico e laboratorial, com idade entre seis e 18 anos, e 536 controles saudáveis com idade superior a 18 anos, sem história de doença pulmonar pessoal e/ou na família, considerando duas gerações. Foram avaliados 125 genes, sendo validados para estudo de associação 256 polimorfismos informativos. Análise genética realizada pela plataforma OpenArrayTM(LifeTechnologies®). Análise estatística realizada pelo software SPSS versão 22,0. $p=0,05$. Resultados: Na comparação dos indivíduos com AA com os controles saudáveis houve diferença para 56 genes, correspondendo a associação com 86 polimorfismos. Na amostra analisada, 79 genótipos foram associados ao maior risco para a AA e 80 outros genótipos como fator proteção para a doença. O odds ratio(OR), como fator de risco para a AA variou de 6,4(95%IC=4,01-10,2) para o polimorfismo rs35094768*AC, gene TBXA2R a 1,43(95%IC=1,01-2,01) para o polimorfismo rs11071559*CC, gene RORA. Em relação ao fator protetor para a AA, o OR variou de 0,7(95%IC=0,05-0,099) para o polimorfismo rs2228145*AC, gene IL6R a 0,10(95%IC=0,01-0,71) para o polimorfismo rs917998*TT, gene IL18RAP e 0,10(95%IC=0,04-0,23) para o polimorfismo rs6334*GG, gene NTRK1. Os demais valores de OR variaram entre os citados. Na amostra analisada, houve associação de 56 polimorfismos para o genótipo heterozigoto(análise de over-dominância) como fator de risco ou proteção para AA, demonstrando um caráter genético de herança que mantém a asma com elevada prevalência populacional. Conclusão: Os resultados obtidos confirmam a variabilidade genética que condiciona a AA em nossa população. Múltiplos genes formam uma rede intrínseca de associações que acarretam na presença da doença complexa, que precisa ser estudada, para ser entendida do ponto de vista genético. Possivelmente, tenhamos para cada indivíduo uma AA, com base genética única e pessoal, que confere a individualidade a doença.