



Trabalhos Científicos

Título: Uma Possível Resposta Genética Para O Risco De Asma Em Pacientes Que Tiveram Bronquiolite Viral Aguda Grave

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

Resumo: Objetivos: Verificar o perfil genético para o risco e gravidade da asma alérgica(AA) e bronquiolite viral aguda grave(BVAG), considerando genes relacionados a resposta inflamatória. Métodos: Incluídos 186 pacientes com BVAG por diagnóstico clínico, com idade inferior a um ano, 221 com AA por diagnóstico clínico e laboratorial, e 536 controles saudáveis com idade superior a 18 anos, sem história de doença pulmonar pessoal e/ou na família por duas gerações. Foram avaliados 125genes, sendo validados e considerados para o estudo de associação 256polimorfismos. Análise genética realizada na plataforma OpenArray™ e análise estatística pelo SPSS vs22,0. $p=0,05$. Resultados: AA: houve diferença para 56 genes, 86 polimorfismos. BVAG:houve associação com 51 genes, 65 polimorfismos. Ambas ao mesmo tempo: os genes foram comparados entre a população com AA e BVAG, ao mesmo tempo, em relação aos controles saudáveis. Na comparação, 60 genes, 86 polimorfismos, foram associados com a presença de ambas as doenças, sem diferenciar qual delas. Como fator de risco, a amplitude do odds ratio(OR) foi de 8,82(95%IC=5,833-13,33; rs35094768*AC gene TBX2AR) e 7,52(95%IC=4,436-12,74; rs6334*AG, gene NTRK1) a 1,35 para três polimorfismos[(95%IC=1,014-1,799; rs597980*AG, gene ADAM33); (95%IC=1,005-1,808; rs4697177*GG, gene KCNIP4); (95%IC=1,009-1,794; rs375947*AA, gene IL12RB1)]. Como menor chance, houve OR de 0,72(95%IC=0,533-0,972; rs258750*AG, gene NR3C1) a OR de 0,10[(95%IC=0,031-0,332; rs4880*GG, gene SOD2); (95%IC=0,061-0,156; rs5743708*GG, gene TLR2); (95%IC=0,061-0,150; rs35094768*CC, gene TBXA2R); (95%IC=0,049-0,186; rs6334*GG, gene NTRK1)]. Genes em comum quando avaliadas as doenças individualmente(38):ADAM33, CTL4, FCER1A, IKZF3, IL10, IL12RB1, IL13, IL17A, IL18, IL1A, IL1B, IL23R, IL4, IRAK3, IRF4, IRF5, KCNIP4, LRR3, MMP9, NOD1, NR3C1, NTRK1, PDE4D, PSMA3, RORC, RUNX1, SELE, SELL, SIGIRR, SOD2, TBXA2R, TIMD4, TIMP-1, TLR2, TLR4, TOP2Ai, TSLP e ZBTB. Conclusão: Múltiplos genes ocorrem em comum na modulação da AA e BVAG e podem ser determinantes da evolução de uma doença na outra, condicionando o fator de risco já relatado na literatura.