



Trabalhos Científicos

Título: Bronquiolite Viral Aguda Grave Associada Com A Variabilidade Em Genes Da Resposta Inflamatória

Autores: ALFONSO ALVAREZ (UNICAMP); FERNANDO MARSON (UNICAMP); CARMEN BERTUZZO (UNICAMP); LUCIANA REZENDE (UNICAMP); TÂNIA KAWASAKI (UNICAMP); MARIA ÂNGELA RIBEIRO (UNICAMP); CLARISSE ARNS (UNICAMP); JOSÉ DIRCEU RIBEIRO (UNICAMP)

Resumo: Objetivos: Verificar o perfil genético para risco e gravidade da 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 e 536 controles saudáveis com idade superior a 18 anos sem história de doença pulmonar pessoal e/ou na família por duas gerações. Variáveis populacionais: ventilação mecânica (VM), oxigenoterapia, tempo de internação e permanência em unidade de tratamento intensivo (UTI). Avaliados 125 genes, para 256 polimorfismos. Análise genética realizada pela plataforma OpenArray™ e estatística pelo SPSS vs22.0. $p=0,05$. Resultados: Para os polimorfismos analisados, houve associação com 65 polimorfismos em 51 genes para a presença de BVAG. Na amostra analisada, o fator proteção [odds ratio (OR) inferior a um] teve amplitude de 0,03 (95%IC=0-0,24; rs790631*TT, gene IL23R) a 0,64 (95%IC=0,43-0,96; rs487202*GG, gene IL23R). Valores de OR indicando maior risco para a BVAG apresentou menor OR=1,49 (95%IC=1,02-2,20, rs1898671*GG, gene TSLP) e três superiores a dez, indicando alto risco para BVAG [(OR=17,12; 95%IC=7,83-37,44, rs35094768*AC, gene TBXA2R); (OR=10,66; 95%IC=5,46-20,80; rs5743708*AG; gene TLR2); (OR=10,62; 95%IC=4,25-26,53; rs6334*AG; gene NTRK1). Para internação, houve associação com nove polimorfismos em seis genes, com maior OR no rs907091*CC (OR=4,011; 95%IC=1,756-9,16) gene IRAK3, e menor no rs1538372*AA (OR=0,064; 95%IC=0,008-0,507), gene CH13L1. Para oxigenoterapia, houve associação com sete polimorfismos em quatro genes, com maior OR no rs7216389*CC (OR=4,742; 95%IC=1,28-17,56), gene GSDMB, e menor no rs4704727*TT (OR=0,056; 95%IC=0,007-0,447), gene TIMD4. Para a necessidade de UTI, houve associação com quatro polimorfismos em quatro genes, com maior OR no rs6737848*CC (OR=3,529; 95%IC=1,616-7,707), gene SOCS5, e menor no rs4986791*TT (OR=0,156; 95%IC=0,031-0,784), gene TLR4. Para necessidade de VM, houve associação com seis polimorfismos em seis genes, com maior OR no rs6737848*CC (OR=3,2; 95%IC=1,367-7,489), gene SOCS5, e menor no rs315952*CC (OR=0,155; 95%IC=0,046-0,519), gene IL1RN. Conclusão: Múltiplos genes atuam na presença e gravidade da BVAG, tendo respostas com “peso” diferenciado em relação aos variantes genéticas.