



Associação das variantes genéticas do gene *CR1* com a manifestação das diferentes formas clínicas da hanseníase no município de Campos dos Goytacazes

Letícia Silva Nascimento, Yuri Scheidegger de Castro, Rebeka da Conceição Souza, Edilbert Pellegrini Nahn Jr., Alba Lucínia Peixoto Rangel

A hanseníase é uma doença crônica causada pelo bacilo *Mycobacterium leprae*. A infecção ativa por *M. leprae* é caracterizada por uma grande diversidade no curso clínico da infecção, variando de uma doença paucibacilar em que poucos bacilos estão presentes à uma doença multibacilar em que muitos bacilos estão presentes nas lesões. O receptor CR1 ou CD35 é expresso na superfície de uma variedade de células tais como eritrócitos, monócitos, leucócitos e macrófagos. A relevância clínica para estas funções de CR1 foi mostrada por associações entre níveis de expressão de CR1 na superfície dos eritrócitos e doenças, incluindo a hanseníase. Considerando o importante papel do CR1 na ativação do complemento e na imunidade inata, os polimorfismos do gene *CR1* podem influenciar na redução ou no aumento da expressão de CR1 em eritrócitos e leucócitos, contribuindo, conseqüentemente, para a suscetibilidade ou resistência ao desenvolvimento de diferentes formas clínicas da doença. Neste sentido, este trabalho tem como objetivo, verificar a associação entre SNPs no gene *CR1* e a manifestação das diferentes formas clínicas da hanseníase em pacientes e indivíduos saudáveis de Campos dos Goytacazes-RJ por meio de estudo caso-controle. Amostras de sangue periférico de 380 indivíduos portadores das diferentes formas clínicas da hanseníase e indivíduos controles saudáveis tiveram seu DNA extraído, quantificado e armazenado a -20 °C. Previamente aos ensaios de genotipagem os DNAs extraídos foram avaliados quanto a pureza em uma Reação de Polimerase em Cadeia usando primer do gene GAPDH. Os SNPs do gene *CR1* (*CR1_rs6656401*, *CR1_rs7525160* e *CR1_rs9429942*) estão sendo genotipados pelo método de SNAP e, posteriormente, os dados serão analisados estatisticamente e espera-se poder propor CR1 como um marcador de valor preditivo ao desenvolvimento das formas clínicas da hanseníase.

Palavras-chave: Hanseníase, CR1, SNP.

Instituição de fomento: CNPq, FAPERJ, UENF.