

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, Rebeka da Conceição Souza, Liliani de Souza Elias, Rita de Cássia Mothé Escocard, Alba Lucínia Peixoto Rangel

A hanseníase é uma doença infecciosa específica de humanos, de evolução crônica e, causada pelo *Mycobacterium leprae*. O receptor CR1 encontra-se expresso na superfície de uma diversidade de células tais como eritrócitos, monócitos, polimorfonucleares, leucócitos, macrófagos, podócitos glomerulares e células de Langerhans. Uma importante função biológica de CR1 é sua participação no *clearance* de complexos imunes. A relevância clínica para essas funções de CR1 foram mostradas por associações entre doenças e níveis de expressão de CR1 na superfície de eritrócitos. Especificamente em hanseníase, a forma clínica lepra lepromatosa foi há muitos anos atrás relacionada com marcada redução na expressão de CR1 sobre os eritrócitos dos pacientes em comparação aos pacientes com lepra tuberculóide e aos controles saudáveis. Considerando o importante papel de CR1 na ativação do complemento, imunidade inata e inflamação crônica, polimorfismos no gene CR1 podem estar influenciando na redução ou aumento da expressão da molécula CR1 em eritrócitos e leucócitos e, conseqüentemente, contribuindo para suscetibilidade ou resistência ao desenvolvimento de diferentes formas clínicas da hanseníase. Neste sentido, este trabalho tem como objetivo verificar a associação entre tag SNPs no gene *CR1* e manifestação das diferentes formas clínicas da hanseníase em pacientes e indivíduos controles de Campos dos Goytacazes por meio de estudo caso-controle. Para tanto, 27 amostras de sangue periférico de indivíduos portadores das diferentes formas clínicas da hanseníase foram coletadas até o momento, e o DNA está sendo extraído pela técnica de *salting out*. As amostras que já tiveram seu DNA extraído com sucesso, foram armazenadas a -20 °C para uso nas futuras análises genéticas. Seleção de tag SNPs do gene CR1 também foi realizada utilizando os dados do hapmap e o programa haploview 4.2. Desenho dos primers de amplificação e de extensão a serem utilizados nas reações de SNaPshot também está sendo realizado. Espera-se que ao final deste trabalho possamos propor CR1 como marcador biológico de valor preditivo ao desenvolvimento das formas clínicas da hanseníase.

Palavras-chave: Hanseníase, CD35, SNP.

Instituição de fomento: FAPERJ, UENF