

Pesquisa (PESQ - 279)

Responsável

Vanusa Pousada da Hora

Unidades Envolvidas

FaMed - Faculdade de Medicina

Título

Imunogenética da infecção pelo HCV: análise exploratória do impacto de fatores genéticos do hospedeiro sobre a suscetibilidade à infecção pelo HCV e desfecho clínico dos pacientes infectados

Resumo

A infecção pelo vírus da hepatite C (HCV) é um problema de saúde pública de escala global. Analisando dados do Brasil percebe-se a situação epidemiológica da infecção pelo HCV no Estado do Rio Grande do Sul é especialmente alarmante, uma vez que a maior taxa de incidência de casos de infecção pelo HCV no Brasil é a registrada no Estado. Estima-se que 15 a 45% dos pacientes infectados eliminem o vírus naturalmente em até seis meses após a infecção. Entretanto, os indivíduos que não conseguem eliminar o vírus podem desenvolver hepatite C crônica (55 a 85% dos pacientes). Entre estes indivíduos, em torno de 20 a 30% desenvolvem cirrose e 1 a 4% desenvolvem hepatocarcinoma. A coinfeção HCV/HIV é também um problema bastante frequente. Estima-se que um terço dos indivíduos infectados pelo HIV também estejam infectados pelo HCV. Entre os diversos fatores que determinam a suscetibilidade à infecção pelo HCV e à coinfeção com outros vírus, genes relacionados ao sistema imunológico e suas variantes são altamente relevantes. De forma similar, a suscetibilidade à coinfeção HCV/HIV também parece ser modulada por variantes genéticas. Neste contexto, o objetivo deste trabalho é avaliar de forma exploratória fatores genéticos do hospedeiro (principalmente polimorfismos genéticos) com potencial impacto sobre a suscetibilidade à infecção pelo HCV, coinfeção com outros vírus e desfecho clínico dos pacientes infectados. Para isso, serão comparados indivíduos infectados pelo HCV com indivíduos controles. Uma amostra de sangue (utilizada para a extração de DNA) será coletada de cada participante da pesquisa. Dados clínicos e sociodemográficos também serão coletados. A coleta de sangue e dos dados supracitados será realizada após aplicação de Termo de Consentimento Livre e Esclarecido. Por fim, os dados moleculares, sorológicos, sociodemográficos e clínicos obtidos ao longo do estudo serão analisados em conjunto, para então ser possível identificar potenciais populações com suscetibilidade diferenciada à infecção pelo HCV, coinfeção com outros vírus e desfechos clínicos relacionados ao HCV.