



ANÁLISE DA DELEÇÃO $\Delta 32$ DO RECEPTOR DE QUIMIOCINA CCR5 EM DESCENDENTES ASIÁTICOS EM MARINGÁ – PR

Ane Caroline Nunes¹; Carlos Henrique Freire²; Karen Brajão de Oliveira³

RESUMO: As quimiocinas são citocinas envolvidas no processo de atração de leucócitos aos sítios de inflamação, atuam também no desenvolvimento dos órgãos, na angiogênese, na mobilidade de células tronco, na recirculação dos leucócitos, na regulação e no desenvolvimento imunológico e hematopoiético. Os receptores de quimiocinas CCR5 são expressos em células T ativadas e que apresentam perfil de citocina tipo Th1. O gene que codifica o CCR5 está localizado na região p21.3 do cromossomo 3 humano. Outros genes de receptores de quimiocinas estão próximos desta região. CCR5 é um dos receptores da família de quimiocinas CC (composta por CCL3, CCL4, CCL5) presente principalmente em células do sistema imune como linfócitos e macrófagos. Muitos polimorfismos nos genes que codificam as quimiocinas e seus receptores têm sido descritos em diferentes populações, o que poderia interferir na regulação da expressão gênica. Em uma rápida sucessão de estudos epidemiológicos, identifica-se a existência de um alelo mutante para o gene CCR5, que carrega uma deleção de 32 pares de bases, sendo denominado CCR5-delta32. Este polimorfismo em homozigose impede a síntese de proteínas CCR5 funcionais, dificultando assim a entrada do vírus HIV nas células, uma vez que este receptor é também um co-receptor para a entrada do HIV nas células. Pessoas portadoras da deleção em heterozigose apresentam uma progressão mais lenta na infecção pelo HIV-1 do que os indivíduos onde não há constatação desta deleção. Em descendentes asiáticos a deleção do CCR5-delta32 é pouco frequente, como o Brasil é um país que apresenta grande miscigenação, e levando-se em consideração a grande importância da deleção na susceptibilidade à infecção pelo HIV, o presente trabalho avaliará a incidência deste polimorfismo entre descendentes asiáticos, das quais será extraído o DNA para análise molecular do polimorfismo por meio da técnica de Reação em Cadeia da Polimerase (PCR). Os indivíduos que concordarem em participar serão encaminhados ao laboratório de Análises Clínicas para a coleta da amostra, após assinatura do Termo de Consentimento Livre e Esclarecido (TCLE). Os dados serão avaliados estatisticamente pelo programa SPSS Statistics 17.0, adotando o nível de significância de $p < 0.05$. Com o desenvolvimento do presente projeto espera-se contribuir para uma maior compreensão e conhecimento da frequência do alelo variante do polimorfismo de quimiocina CCR5-delta32, em indivíduos saudáveis descendentes de asiáticos, bem como avaliar possíveis aumentos na susceptibilidade de doenças infecciosas e inflamatórias.

PALAVRAS-CHAVE: CCR5-delta32; epidemiologia; HIV.

¹ Acadêmica do Curso de Biomedicina do Centro Universitário de Maringá (CESUMAR), Maringá – Paraná. Programa de Iniciação Científica do Cesumar (PICC). ane_karolnunes@hotmail.com

² Acadêmico do Curso de Biomedicina do Centro Universitário de Maringá (CESUMAR), Maringá – Paraná. Programa de Iniciação Científica do Cesumar (PICC). kar_loos@hotmail.com

³ Orientador, Professora Doutora do Centro Universitário de Maringá (CESUMAR), Maringá – Paraná. karen.oliveira@cesumar.br