

3.2. ANÁLISE DO POLIMORFISMO NO ÉXON 1 DO GENE DA LECTINA LIGADORA DE MANOSE (MBL) EM INDIVÍDUOS PRIMOINFECTADOS POR *Plasmodium vivax*

Karolina, F. Kalil¹; Isabel, A.B. Silva²; José, M. Souza²; Antonio, C.R. Vallinoto¹; Maristela, G. Cunha¹.

¹Departamento de Patologia, Centro de Ciências Biológicas da Universidade Federal do Pará, Belém, Pará.

²Instituto Evandro Chagas, Ananindeua, Pará.

Introdução: A Lectina Ligadora de Manose (MBL) é membro da família das colectinas, proteínas caracterizadas pela presença de uma região similar ao colágeno e um domínio de lectina. A MBL participa dos mecanismos da imunidade inata, iniciando a ativação do sistema complemento pela via das lectinas. Esta ativação ocorre quando a MBL se liga a resíduos de oligossacarídeos (Manose e N-acetil glicosamida) presentes na superfície de agentes infecciosos e parasitários. Essa ligação ativa as Proteases Serinas Associadas a MBL (MASP) que são capazes de clivar os componentes C4, C2 e C3 do Complemento, resultando na formação da C3 convertase. Assim, a reação em cascata iniciada pela MBL desencadeia a formação do Complexo de Ataque a Membrana (MAC), que atua causando a lise do agente. Polimorfismos descritos no éxon 1 do gene da MBL podem alterar os níveis séricos e/ou a participação desta via nos mecanismos de defesa contra agentes infecciosos e parasitários. **Objetivos:** Analisar as freqüências alélicas e genotípicas nos códons 52 e 54 do éxon 1 do gene da lectina ligadora de manose (MBL) em indivíduos primoinfectados por *Plasmodium vivax*.

Material e Métodos: Foram analisadas 81 amostras coletadas de indivíduos atendidos no Programa de Ensaio Clínico em Malária do Instituto Evandro Chagas, no período de fevereiro de 2002 a março de 2003, os quais foram diagnosticados pelo método da gota espessa e relataram que estavam tendo malária pela primeira vez. A avaliação clínica foi realizada, e com base na intensidade dos sinais e sintomas foram estabelecidos valores de escores que identificaram dois grupos, um com malária leve a moderada e outro com sinais e sintomas mais intensos. A extração do DNA das amostras de sangue foi realizada pelo método do fenol/clorofórmio e a genotipagem foi realizada após amplificação de 349pb pela reação em cadeia da polimerase (PCR) seguido da identificação do alelo selvagem *MBL* A* e das mutações *MBL* B* e *MBL* C* utilizando-se as enzimas de restrição *BanI* e *MboI*. Posteriormente, foram realizadas reações de SSP-PCR e PCR, para a identificação do alelo mutante *MBL* D* e confirmação da homozigose ou heterozigose. **Resultados:** As freqüências encontradas dos alelos A, B, e D foram 64,20%, 19,75%, e 16,05%, respectivamente. O alelo C não foi encontrado. Foram identificados cinco genótipos, AA, AB, AD, BB e BD. As freqüências dos genótipos encontradas variaram de 1,23% a 34,57%, sendo para AA (34,57%), AB (28,40%), AD (30,86%), BB (4,94%) e BD (1,23%). Esta caracterização genotípica deverá contribuir para futuras análises que visam verificar se os polimorfismos encontrados no éxon 1 do gene da MBL apresentam alguma associação com a proteção clínica, durante o primeiro episódio de malária por *P. vivax*.

Conclusões: Os resultados obtidos mostram que foram identificados os genótipos AA, AB, AD, BB e BD, sendo que os mais freqüentes foram os genótipos AA (selvagem) e AD (mutante).