

ASSOCIAÇÃO DO POLIMORFISMO NO GENE *CTLA4* (RS231775) E PRESENÇA DE ABORTAMENTOS EM LÚPUS ERITEMATOSO SISTÊMICO

Oliveira, ACA¹; Santos Júnior, JCM¹; Cardoso, LCA²; Borges, F.S.A.³; Siqueira, LBN⁴,
Souza, T.M⁵; Freire, DO⁵; Cipriano, VTF⁵; Kogawa, EM⁶; Lins, CEC⁷; Ferreira, LB⁸; Silva,
ICR¹ Contato: belsilva@unb.br



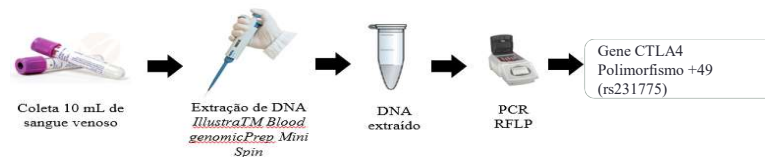
INTRODUÇÃO

O Lúpus Eritematoso Sistêmico (LES) é uma doença multissistêmica, auto-imune, caracterizada por inflamação vascular e do tecido conjuntivo, com anticorpos antinucleares. As manifestações clínicas são variáveis, com uma história natural progressiva e imprevisível. Apresenta maior incidência (90% dos casos) em mulheres jovens na fase reprodutiva. Além disto, é digno de nota que gestações em pacientes lúpicas apresentam maiores índices de abortamentos e partos prematuros. O gene *CTLA4*, localizado no cromossomo 2 (2q33), é membro de uma superfamília de imunoglobulinas, sendo o produto da expressão detectável em células T após apresentação de antígenos. Polimorfismos de um único nucleotídeo no gene *CTLA4* estão associados com a susceptibilidade a uma série de doenças autoimunes, como com doença de Graves e LES. Além disto, o alelo G na região +49 do gene foi relatado aumentar o risco em pré-eclâmpsia. Com isto, o objetivo do presente estudo foi identificar a distribuição do polimorfismo genético na região codante do gene *CTLA4* (+49; rs231775) em pacientes com LES e associá-la com a presença de abortamentos. .

MÉTODOS



Dados clínicos dos pacientes → revisão de prontuários médicos e questionário com dados antropométricos



O presente estudo teve aprovação Comitê de ética (CEP) – FEPECS Parecer 309/2009

CONCLUSÕES

Este estudo apontou que a presença do genótipo AA na posição +49 do gene *CTLA4* é um fator protetor para o histórico de presença de abortamentos em pacientes lúpicas do Centro Oeste brasileiro. Outros estudos para melhor compreensão deverão ser executados.

RESULTADOS

Tabela 1- Distribuição das frequências genotípica e alélica do polimorfismo *CTLA4* (+49; rs231775) nas portadoras de LES

<i>CTLA4</i> (rs231775)	LES	
	N	%
AA	104	40,5
AG	127	49,4
GG	26	10,2
Total	257	100,1
AA	104	40,5
AG+GG	153	59,6
Total	257	100,1
A	335	65,1
G	179	34,9
Total	514	100,0

Tabela 2- Análise da associação entre o polimorfismo *CTLA4* (+49; rs231775) e a característica clínica “presença de abortamentos” das portadoras de LES.

Abortamentos	<i>CTLA4</i> (rs231775)						P
	AA		AG+GG		P		
	Contagem	N % da linha da camada	Contagem	N % da linha da camada			
SIM	21	30,4%	20,2%	48	69,6%	31,4%	0,047*
NÃO	83	44,1%	79,8%	105	55,9%	68,6%	

P = teste Qui-quadrado

FOMENTO

