

**P-596 - ESTUDO DA ASSOCIAÇÃO DA PROGRESSÃO DA FIBROSE HEPÁTICA E RESPOSTA TERAPÊUTICA COM POLIMORFISMOS GENÉTICOS FUNCIONAIS (TGF-BETA1, IFN-GAMA, IL-6, IL-10 E TNF-ALFA) EM PACIENTES INFECTADOS PELO VÍRUS DA HEPATITE C.**

**Fernanda A. Pereira<sup>1</sup>, Luciano A.O.S. Pereira<sup>1</sup>, Maria Alice S. Zarife<sup>1</sup>, Theomira M.A. Carmo<sup>1</sup>, Luiz A.R. Freitas<sup>1</sup>, Raymundo Paraná<sup>2</sup>, Mitermayer G. Reis<sup>1</sup>**

1 - FIOCRUZ - CPQGM - Centro de Pesquisa Gonçalo Moniz - Fiocruz-BA; 2 - UFBA - Universidade Federal da Bahia - Faculdade de Medicina

**Introdução:** As citocinas possuem um papel fundamental na regulação da resposta imunológica. Na infecção causada pelo VHC, seus níveis de produção podem interferir na progressão da doença, persistência viral e resposta terapêutica. Os genes de citocinas são polimórficos em sítios específicos, e determinados polimorfismos podem alterar a expressão e a secreção das mesmas. **Objetivo:** Caracterizar a frequência de alelos polimórficos nos genes do TNF-alfa, TGF-beta1, IL-10, IL-6, e IFN-gama em pacientes infectados pelo VHC, acompanhados segundo a progressão da fibrose hepática e a resposta à terapia antiviral. **Materiais e Métodos:** Foram selecionados 147 pacientes (66 respondedores e 81 não respondedores à terapia antiviral). Destes, 120 foram estratificados de acordo com o índice METAVIR (F0 à F4) que corresponde ao estadiamento da fibrose hepática. A genotipagem das citocinas foi realizada através da PCR-SSP, utilizando o kit "Cytokine Genotyping Tray" (One Lambda). Foram comparadas as distribuições dos polimorfismos: TNF-alfa (-308G/A), TGF-beta1 (códon10 T/C, códon 25 G/C), IL-10 (-1082 A/G; -819T/C; -592A/C), IL-6 (-174G/C) e IFN-gama (+874T/A). **Resultados:** Foi observada diferença estatisticamente significativa na frequência do polimorfismo do gene da IL-6, quanto aos pacientes classificados de acordo com a resposta terapêutica. Foi observada uma predominância do fenótipo alto produtor da IL-6 nos pacientes respondedores ao tratamento quando comparados ao grupo de pacientes não respondedores. Não foi observada significância estatística nas frequências alélicas e genotípicas dos genes que codificam TNF-alfa, IFN-gama, IL-10 e TGF-beta1. Quando estratificados de acordo com o índice METAVIR, não foram observadas diferenças estatísticas entre os grupos. **Conclusão:** Estes achados sugerem uma associação entre o polimorfismo do gene da IL-6 na determinação da resposta terapêutica. Estudos complementares dos pacientes com avaliação do grau de lesão hepática são necessários para determinar o papel destes polimorfismos na progressão da fibrose em indivíduos infectados pelo VHC.