

O vírus da hepatite C (HCV) é classificado em sete genótipos, sendo que o genótipo 1 é o mais resistente ao tratamento. A resposta virológica sustentada (RVS) ao tratamento com Interferon peguilado (IFN-PEG) e Ribavirina (RBV) é definida por níveis plasmáticos de RNA do HCV indetectáveis seis meses após o término do tratamento. Pacientes infectados com genótipo 1 apresentam uma taxa de RVS inferior a 50%, justificando assim a busca por novos estudos que possam dar subsídios para o correto manejo do tratamento. O presente estudo pretende analisar se os polimorfismos genéticos humanos G-88T e G-308A, presentes nos genes MxA e TNF-alfa, respectivamente, influenciam a RVS de pacientes portadores do genótipo 1 do HCV. Até o momento foram coletadas 210 amostras de pacientes infectados com genótipo 1 do HCV em tratamento, através de punção digital em cartão FTA. O estudo está em fase de padronização, mas já apresenta resultados positivos na extração a partir dos cartões FTA, para a qual foram testados diferentes protocolos. Os polimorfismos serão analisados através da amplificação das regiões escolhidas, com visualização do produto amplificado em gel de agarose e, posterior, sequenciamento do DNA. Os resultados obtidos com as análises dos polimorfismos serão correlacionados com a RVS. O estudo da influência de variações genéticas nas respostas aos medicamentos poderá auxiliar na identificação de quais pacientes se beneficiarão com a terapia, com um menor risco de efeitos adversos, possibilitando uma terapia individualizada mais eficiente.