

O vírus da hepatite C (HCV) infecta cerca de 170 milhões de pessoas em todo o mundo. Aproximadamente 20% dos indivíduos infectados conseguem eliminar o vírus de forma espontânea, sendo que no restante a infecção evolui para hepatite C crônica. Uma proporção significativa destes pacientes desenvolve cirrose e hepatocarcinoma, sendo a infecção pelo HCV a etiologia mais frequentemente diagnosticada em casos de transplante hepático. O tratamento atual objetiva deter a progressão da doença hepática pela eliminação do HCV e envolve a utilização de interferon (convencional ou peguilado) associado à ribavirina. Polimorfismos no gene da interleucina 28B humana (*IL28B*) foram associados ao sucesso do tratamento, ou seja, quando o paciente apresenta resposta virológica sustentada (RVS), que é definida como a ausência de material genético do HCV no soro 6 meses após o final do tratamento. Apenas uma parcela dos pacientes cronicamente infectados obtém RVS, sendo este índice de 40-50% no caso dos pacientes portadores do genótipo 1. O presente estudo tem como objetivo verificar a associação entre o polimorfismo rs12979860 do gene *IL28B* e a resposta ao tratamento em pacientes com hepatite C crônica. Serão analisados 200 pacientes brasileiros infectados pelo HCV com os genótipos 1, 2 ou 3. O DNA foi extraído a partir de sangue total. A identificação dos genótipos dos pacientes está sendo realizada pela amplificação do material genético por meio da reação em cadeia da polimerase (PCR), seguida da clivagem com a enzima de restrição *Bst*UI. Os fragmentos foram verificados por eletroforese em gel de poliacrilamida 10% corado com nitrato de prata. Até o presente momento foram determinados os genótipos de 50 pacientes. Destes, 15 apresentaram o genótipo CC, 20 o genótipo CT e 15 o genótipo TT, sendo a frequência do alelo C 50%. Após a realização das análises genéticas no restante da amostra, será realizado o estudo de associação entre os genótipos do polimorfismo rs12979860 e a resposta ao tratamento.