

**POLIMORFISMOS GENÉTICOS DOS GENES *CD40*, *CD40L* E *BLYS*,
MOLÉCULAS CO-ESTIMULATÓRIAS DO LINFÓCITO B, NA
SUSCEPTIBILIDADE À MALÁRIA POR *PLASMODIUM VIVAX***

Capobianco, M.P.^{1,3}; Cassiano, G.C.^{1,3}; Furini, A. A.C.¹; Storti-Melo, L.M.²; Fraga, V.D.³; Conceição, L.M.³; Machado, R.L.D.^{1,3}

¹Universidade Estadual Paulista, São José do Rio Preto; ²Universidade Federal do Sergipe, Itabaiana; ³Faculdade de Medicina de São José do Rio Preto, São José do Rio Preto

Fonte de Financiamento: FAMERP e CNPq

Introdução: O *Plasmodium vivax* é a espécie mais prevalente no Brasil e representa mais de 80% dos casos clínicos relatados anualmente na região Amazônica. O processo co-evolucionário entre o parasito e o hospedeiro pode ser visto como uma ferramenta, na qual trocas genéticas adaptativas podem influenciar na diversidade da população Amazônica. Analisamos os polimorfismos dos genes *CD40*, *CD40L* e *BLYS*, que participam da co-estimulação do Linfócito B em pacientes com *P. vivax*. **Material e Métodos:** a amostra foi constituída por 97 pacientes com malária vivax não complicada e como grupo controle 103 indivíduos não-maláricos. A extração de DNA foi utilizada empregando-se o *kit* de extração/purificação Easy-DNATM (Invitrogen, Califórnia – USA) e a identificação dos SNPs -726T>C no gene *CD40L*, -1 C>T no gene *CD40* e -871C>T no gene *BLYS* foram efetuadas pelo método de PCR-RFLP. as frequências genotípicas), alélicas e de indivíduos portadores de cada alelo foram estimadas por contagem direta. Também foram comparadas as frequências genotípicas observadas com as esperadas segundo o teorema de Hardy e Weinberg. **Resultados:** Os genótipos detectados foram T/T; T/C e C/C. Para o gene *CD40L* as frequências genotípicas variam de 0 a 84%, para o gene *CD40* variaram de 4,1 a 64% e para o gene *BLYS* a variação foi de 5,9 a 57,3%. Nenhuma associação estatisticamente significativa foi observada nas frequências alélicas e genotípicas entre os pacientes maláricos e o grupo controle. Não se verificou interação entre os genes *CD40* e *BLYS* e os genes *CD40L* e *BLYS*. Ambos os genes se encontram em equilíbrio de Hardy e Weinberg. **Conclusão:** Os resultados deste estudo sugerem que as variantes genéticas analisadas nos genes *CD40*, *CD40L* e *BLYS* não afetam a funcionalidade das moléculas de modo que possa interferir na susceptibilidade a doença.