

## ASSOCIAÇÃO DA METILAÇÃO NO PROMOTOR DA *IL-4* COM NÍVEL DE IgE TOTAL EM SUBAMOSTRA DA COORTE DE NASCIMENTO DE 1993 DO MUNICÍPIO DE PELOTAS/RS-BRASIL.

**SILVA, Liziane Pereira da<sup>1</sup>; CRUZ, Otávio Martins<sup>1</sup>; DUMITH, Samuel de Carvalho<sup>2</sup>; MENEZES, Ana Maria Baptista<sup>3</sup>; OLIVEIRA, Isabel Oliveira<sup>3</sup>; NUNES, Ana Paula<sup>4</sup>**

<sup>1</sup> Mestranda do Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia – UFPel <[lizibio@yahoo.com.br](mailto:lizibio@yahoo.com.br)>

<sup>2</sup> FURG

<sup>3</sup> UFPEL

<sup>4</sup> Departamento de Morfologia - Instituto de Biologia – UFPel, orientador no trabalho, <[anapaula.epi@gmail.com](mailto:anapaula.epi@gmail.com)>

A citocina interleucina (IL)-4 está envolvida em rotas imunorregulatórias, regulando a imunoglobulina (Ig)-E no desencadeamento de doenças alérgicas. A asma, doença crônica respiratória, é resultado de estímulos ambientais em indivíduos geneticamente suscetíveis; clinicamente é acompanhada por níveis elevados de IgE. Estudos epigenéticos têm demonstrado que a metilação no gene *IL-4* altera sua expressão, via o recrutamento de DNA metiltransferases (DNMT). A elucidação da interação gene-ambiente por estudos epigenéticos apresenta a perspectiva de identificar fatores ambientais associados aos genéticos, acarretando o estabelecimento e manutenção da asma. O presente estudo objetivou analisar a associação da taxa de metilação no promotor da *IL-4* com o nível de IgE em uma subamostra do estudo dos nascidos vivos em 1993, na cidade de Pelotas/RS. O DNA de 1720 amostras (40%) foi padronizado quantitativamente, convertido com bissulfito e analisado por ensaio High Resolution Melting (HRM) para determinar o padrão de metilação em uma região de 284pb do promotor da *IL-4*, abrangendo 12 sítios CpG, nos percentuais de 0, 25, 50, 75 e 100%. Os níveis de IgE foram determinados por quimiluminescência em sistema IMMULITE (SIEMENS). Os dados foram analisados pelo teste de ANOVA no programa STATA 10.0. Os resultados mostraram que 292 indivíduos não apresentaram nenhum sítio metilado, 321 tinham 25% de metilação, 312 tinham 50%, 478 tinham 75% e 317 tinham todos os sítios metilados ( $p=0,000$ ). O padrão de metilação mostrou associação com o nível de IgE, onde indivíduos com maior taxa de metilação apresentaram os menores valores de IgE ( $p=0,000$ ). Os resultados permitem concluir que existe associação inversa entre a taxa de metilação no promotor da *IL-4* e o nível de IgE na subamostra analisada; por onde pretende-se dar continuidade ao estudo com a integralidade das amostras, além de investigar a associação do padrão de metilação com função pulmonar.

Palavras-chave: epigenética; interleucina-4; DNA metilado

Apoio Financeiro: FAPERGS-PPSUS, CNPq