

Variedade Genética Dos Hospedeiros No Contexto Da Infecção Pelo *Mycobacterium tuberculosis*

Lozado, Fernanda A¹; Silva, Jéssica S¹; Dias, Lucas M¹; Barbosa, Theolis B²; Santana, Clarissa C¹

¹Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Campus Jequié; ²Instituto de Pesquisas Gonçalo Moniz, Fiocruz-Bahia

E-mail para contato: lozadofernanda3@gmail.com

A tuberculose (TB) é considerada um problema de saúde pública global, especialmente em países com alta prevalência de comorbidades, como o HIV. Em vista disto, este trabalho tem como objetivo investigar a influência da variabilidade genética dos hospedeiros na progressão da infecção causada pelo *Mycobacterium tuberculosis* (Mtb), destacando polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs) associados à susceptibilidade da doença. A metodologia adotada foi uma revisão sistemática da literatura, seguindo as diretrizes do PRISMA, com busca na base de dados PubMed utilizando termos específicos relacionados a SNPs e tuberculose. Foram identificados 785 artigos, dos quais 391 foram selecionados para leitura completa após triagem inicial, seguindo os critérios de elegibilidade, que incluem artigos originais em inglês, com foco em SNPs relacionados à tuberculose e que apresentem códigos de referência de SNPs (RefSNP). Foram excluídos artigos de revisão, experimentos in vitro, trabalhos sem resumo disponível ou estudos que não estavam em língua inglesa. A análise dos dados focou em identificar genes cujas variabilidades podem estar associadas à progressão da TB. Entre os genes mais citados, o *IL-4* mostrou-se o mais significativo, com sete citações à doença, indicando uma forte influência na modulação da resposta imune. Genes investigados à apresentação de antígenos, como *TAP1* e *TAP2*, foram frequentemente citados, com quatro e três citações, respectivamente, sublinhando sua importância na detecção do MTB. Receptores tipo Toll, como *TLR1*, *TLR2*, e *TLR4*, também apresentaram múltiplas citações, refletindo seu papel na resposta inflamatória inicial. O gene *VDR*, com seis associações, destaca-se por seu envolvimento na resposta imune mediada pela vitamina D. Foi observado que variações em genes que controlam a ativação imunológica e a inflamação podem aumentar a gravidade da doença, enquanto genes relacionados à apresentação de antígenos e à resposta imune adaptativa são decisivos para a eficácia do controle da infecção. Desta forma, os resultados parciais sugerem que a diversidade genética dos hospedeiros pode desempenhar um papel central na determinação do curso clínico da tuberculose. A identificação de SNPs como potenciais alvos para estabelecimento de biomarcadores e novas terapias, é promissora para o



desenvolvimento de estratégias de diagnóstico mais precisas, capazes de identificar indivíduos em risco de desenvolver formas graves da doença. Além disso, o reconhecimento dos mecanismos genéticos envolvidos na resposta à infecção pode orientar novas abordagens terapêuticas e de prevenção, especialmente em populações mais vulneráveis.

Palavras-chave: *Mycobacterium tuberculosis*. Polimorfismos genéticos. SNPs. Tuberculose

