

Investigação de Casos de Hepatite e Discriminação entre Portadores de HBV e HCV por Metabonômica

Tássia Brena B. C. Costa¹ * (IC), Carlos Jonnatan P. Barros¹ (PG), Andréa D. Batista¹ (PG), Edmundo P. A. Lopes¹ (PQ), Ricardo O. Silva¹ (PQ).

¹ Universidade Federal de Pernambuco, Av. Jornalista Aníbal Fernandes, s/n. Cidade Universitária, Recife/PE. CEP 50740-560 * tassia.brena@ufpe.br

Palavras Chave: HBV, HCV, Metabonômica e RMN de ¹H.

Introdução

A metabonômica utiliza análise estatística multivariada, a partir de dados espectrais de biofluidos ou tecidos, correlacionando com o status bioquímico da amostra¹. As hepatites virais, em particular as do tipo B (HBV) e C (HCV), constituem-se sérios problemas de saúde pública mundial. O diagnóstico precoce é fundamental para o sucesso do tratamento. Atualmente, a discriminação HBV e HCV é obtida com ensaios como PCR². Neste trabalho, construímos um modelo metabonômico, a partir de dados espectrais de RMN de ¹H obtidos de soro, capaz de discriminar os voluntários saudáveis dos portadores de hepatite viral do tipo B ou C, usando espectros de RMN de ¹H obtidos de amostras de soro.

Resultados e Discussão

Obtivemos espectros de RMN de ¹H de amostras de soro coletadas de 12 pacientes positivos para HBV, 31 positivos para HCV e 20 voluntários saudáveis. Os dados foram tratados por Análise de Componentes Principais (PCA), Regressão Múltipla por Mínimos Quadrados Parciais associada à Análise Discriminante (PLS-DA) e a Análise Discriminante Linear (LDA), com validação cruzada. A PCA não separou as amostras em função dos grupos. A PLS-DA e a Análise Discriminante Linear (LDA). A figura 1 apresenta os escores alcançados na PLS-DA.

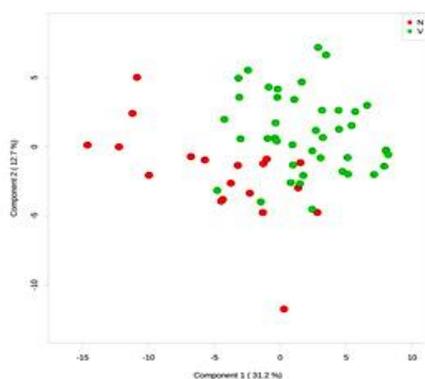


Figura 1. PLS-DA – RMN de ¹H (300 MHz) de soro Controle (N) e Positivos para HBV ou HCV (V).

37^ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Química

A PLS-DA apresentou uma boa discriminação (87% de acerto) entre as amostras do Controle e portadores de hepatite viral, mas não houve boa discriminação entre HBV e HCV. Na LDA, observamos discriminação eficiente entre positivos e saudáveis, mas as amostras de portadores de HBV e HCV estavam sobrepostas. Construímos um novo modelo usando LDA e apenas as amostras de pacientes positivos para HBV e HCV, visando maximizar a separação entre eles.

Das 43 amostras positivas, o modelo classificou corretamente 39 (91%) e das 20 amostras Controle, 16 (80%) foram corretamente classificadas. No modelo construído apenas com amostras positivas, 88% delas foram classificadas corretamente, sendo 90% de acerto para o HCV e 83% de acerto para o HBV. A tabela 1 apresenta esses dados.

Tabela 1. Análise Discriminante (DA) – Amostras de soro de portadores de HBV e HCV.

Classe	HBV	HCV	Acerto
HBV	10	2	83%
HCV	3	28	90%
Total	13	30	88%

Conclusões

Construímos um modelo que discrimina portadores de HBV e HCV de saudáveis, e um segundo modelo que discrimina as amostras fornecidas por portadores de HBV e HCV, usando a estratégia metabonômica, com 88% de classificações corretas, valor preditivo positivo igual a 77% e 93% para o HBV e o HCV, respectivamente.

Agradecimentos

À FACEPE, PRONEX, CNPq e CAPES.

¹ Nicholson, J. K.; Lindon, J. C. e Holmes, E. *Xenobiotica; the fate of foreign compounds in biological systems*, **1999**, 29, 1181.

² Godoy, M.; Lopes, E.P.A.; Silva, R.O.; Hallwass, F.; Koury, L. C. A.; Moura, I. M.; Gonçalves, S. M. C. e Simas, A. M. *Journal of viral hepatitis*, **2010**, 17, 854.