

comorbidade (presença x ausência) e gravidade (leve x grave). Não foram observadas diferenças significativas em nenhuma das análises realizadas (desfecho $p=0,160$; comorbidade $p=0,371$; gravidade $p=0,098$). **Discussão:** O ligante de morte programada 1 (PD-L1) está envolvido na regulação da resposta imune, com um papel na exaustão das células T e estudos têm demonstrado um importante papel desta molécula na progressão COVID-19. Estudo realizado no Brasil por Beserra et al. observou níveis maiores desta molécula no soro de pacientes graves e críticos, indicando que PD-L1 pode estar diretamente relacionado a um pior prognóstico em indivíduos com COVID-19, resultado diferente do encontrado no presente estudo, onde não houve diferença na expressão de PD-L1 em relação a gravidade e desfecho. Já Huang et al. avaliaram pacientes com melanoma que tiveram COVID-19 e demonstraram que o bloqueio do ponto de verificação PD-1/PD-L1 beneficia esses indivíduos, restaurando o estado imunocompetente adequado, apresentando sintomas mais leves. Apesar do presente trabalho não ter observado diferença na expressão de PD-L1 em pacientes com COVID-19 com comorbidades, vale destacar que hipertensão, diabetes, doença cardiovascular entre outras, contribuem significativamente para a gravidade da COVID-19 de acordo com os estudos feitos por Fang et al em 2020. Essas informações, assim como as pesquisas envolvendo a análise do gene CD274, podem contribuir para o desenvolvimento de estratégias terapêuticas direcionadas e melhorar o tratamento dos pacientes com COVID-19. **Conclusão:** Os resultados demonstram que não há relação entre a expressão do CD274 (PD-L1) e os diferentes fenótipos clínicos analisados com o desenvolvimento da COVID-19.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2023.09.1531>

AVALIAÇÃO DA RESPOSTA IMUNOLÓGICA CELULAR UM ANO APÓS VACINAÇÃO COM CORONAVAC EM IDOSOS

DR Almeida, IS Araujo, NL Silva, IO Silva,
MS Rezende, JTCD Santos, SS Dolabella,
RCM Cavalcante, LJQ Júnior, DM Schimieguel

Universidade Federal de Sergipe (UFS), Aracaju, SE,
Brasil

Objetivos: A COVID-19 (*corona virus disease*) é uma doença respiratória causada pelo vírus SARS-CoV-2 (síndrome aguda respiratória severa do coronavírus-2), que surgiu em dezembro de 2019 na China e se espalhou pelo mundo. Devido à urgência no controle e a dificuldade em estabelecer tratamento farmacológico eficaz, as vacinas surgiram como principal alternativa no combate à essa infecção. Os testes com vacinas foram realizados em grupos controlados, e ainda não se sabe exatamente como será a eficácia em populações específicas, principalmente nos idosos. Para auxiliar nesta questão, este trabalho teve como objetivo avaliar a imunidade celular por meio da análise de linfócitos T, após um ano da vacinação com CoronaVac em idosos e profissionais de instituições de longa permanência para idosos (ILPI) do estado de Sergipe. **Materiais e métodos:** Trata-se de um estudo observacional prospectivo, que empregou imunofenotipagem

por citometria de fluxo, para avaliar o perfil fenotípico e funcional de linfócitos T e NK (*natural killer*), utilizando os marcadores CD3, CD4, CD8, CD56, CD69, CD45, CCR7. As análises foram realizadas no citômetro Attune NxT, e os resultados avaliados pelo software FlowJo versão 10.6.1. A estratégia de análise foi a caracterização fenotípica e funcional das populações de linfócitos T CD4+ e CD8+, naíve de memória (CD45RA/CCR7), e dos linfócitos NK ativados e não ativados (CD69). **Resultados:** Foram avaliados 19 indivíduos, 12 idosos com idade variando de 65 a 89 anos ($M=77$), e sete profissionais com idades de 24 a 50 anos ($M=39$). Foi observado o aumento na expressão dos LTCD4+ no GI ($p=0,0106$), quando comparado ao GC. Em relação aos fenótipos LTCD4+ analisados, houve aumento na expressão do fenótipo efetormemory (CD45RA-/CCR7-) no GI ($p=0,0286$). Em contrapartida, o fenótipo naíve (CCR7+/CD45RA+) dos LTCD8+ apresentou diminuição da expressão no GI ($p=0,0298$). Em relação à população de linfócitos NK foi demonstrado aumento na expressão dos linfócitos NKCD69+ (ativados) no GI ($p=0,0024$). Neste grupo, foi analisada a presença dos fenótipos CD56, e CD3, demonstrando que os idosos apresentaram maior expressão dos fenótipos CD56+ CD3+ (NK-T) e CD56+ CD3- (NK) ($p=0,0165$ e $p=0,0202$, respectivamente). **Discussão:** Este estudo demonstrou o aumento na expressão dos linfócitos T CD4+ e do fenótipo efetormemory nos idosos vacinados, corroborando com estudos da literatura que analisaram diversas faixas etárias e variáveis semelhantes. Por sua vez, entre os linfócitos T CD8+, o fenótipo naíve apresentou redução na expressão no grupo de idosos, fato que pode ocorrer devido à imunossenescência, processo fisiológico do envelhecimento em que ocorre alterações na resposta imune. A análise dos linfócitos NK evidenciou aumento na expressão de células CD69+ (ativadas) no grupo de idosos, bem como dos fenótipos NK-T e NK. **Conclusão:** Conclui-se com este trabalho que os idosos apresentaram maior expressão de linfócitos T CD4+, especialmente os de memória efetora, e dos linfócitos NK ativados. Considerando que a rápida expansão dos linfócitos de memória, induzida pela vacina, pode desempenhar um papel crucial no fortalecimento da imunidade na COVID-19, esses resultados podem fornecer insights valiosos sobre a resposta imunológica em diferentes faixas etárias, especialmente em idosos. Em conjunto com outros estudos similares, esses dados podem auxiliar às estratégias de vacinação, com o objetivo de proteger de forma eficaz os grupos mais vulneráveis.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2023.09.1532>

AVALIAÇÃO DE ANTICORPOS NEUTRALIZANTES APÓS UM ANO DE VACINAÇÃO EM IDOSOS

JTCD Santos^a, VVS Lemos^a, MLSC Sá^a,
JLJ Santos^a, NL Silva^a, ERS Gonçalves^b,
LSD Santana^b, AAS Araujo^a, RCM Cavalcante^a,
DM Schimieguel^a

^a Departamento de Farmácia, Universidade Federal de Sergipe (UFS), Aracaju, SE, Brasil

^b Colégio de Aplicação, Universidade Federal de Sergipe (UFS), Aracaju, SE, Brasil

Objetivo: O vírus SARS-CoV-2, causador da COVID-19, tem na sua estrutura um domínio da proteína spike (S) chamado de RBD que é onde acontece a ligação do vírus ao receptor da célula, resultando assim na entrada do vírus na célula. Para combater o vírus foram desenvolvidas vacinas, dentre as quais a CoronaVac, que tem como tecnologia o vírus inativado. O sistema imunológico dos idosos com o passar dos anos se torna mais suscetível a doenças por conta de um fenômeno conhecido como imunossenescência. O objetivo da pesquisa foi avaliar a imunidade humoral mediante a produção de anticorpos neutralizantes após um ano de vacinação em idosos e profissionais em instituições de longa permanência. **Materiais e métodos:** Foram incluídos no estudo os idosos institucionalizados que receberam o esquema vacinal completo da CoronaVac, bem como os profissionais que atuam no local. Para este estudo o critério para definição de idosos foi idade de acima de 60 anos, e para os profissionais que formaram o grupo controle a idade máxima estabelecida foi de 50 anos. Amostras de sangue periférico foram coletadas 360 dias após o esquema vacinal completo para a realização da sorologia para COVID-19 por imunoenensaio de fluorescência (FIA) para a avaliação qualitativa da interferência dos anticorpos ligantes, COVID-19 nAb. **Resultados:** Foram selecionados 139 indivíduos para o estudo, 94 idosos e 45 profissionais, de duas ILPIs de Sergipe. Deste total, 41 amostras não foram coletadas, sendo incluídos para análise 90 indivíduos, 68 idosos e 22 profissionais. A maioria foi do sexo feminino (70%) com média de idade entre os idosos de 82 anos (60 e 100 anos) e a idade média dos profissionais 45 anos (30 e 50 anos). Trezentos e sessenta dias após a vacinação completa com Coronavac, com ou sem dose de reforço, os idosos apresentaram nAb anti-SARS-CoV-2 de 98,5% e os profissionais 100%. Não foi encontrada diferença significativa na média de neutralização entre idosos e profissionais ($p > 0,05$). **Discussão:** Ensaio sorológico para a detecção de anticorpos neutralizantes (nAb) são fundamentais para avaliar a resposta imune à vacinação, nesse estudo foi avaliado a presença de nAb anti-SARS-CoV-2 360 dias após a vacinação completa com Coronavac, com ou sem dose de reforço, os idosos apresentaram nAb anti-SARS-CoV-2 de 98,5% e os profissionais 100%. A presença desse anticorpo indica a reação imune a vacinação e pressupõe que essa reação irá exercer uma proteção em futuras exposições ao vírus. A idade é um fator determinante na resposta imune, fatores como a imunossenescência pode levar a uma redução do sistema imunológico em combater infecções, ou pode levar uma resposta imunológica menos eficiente no combate a vírus. No presente estudo não foi encontrada diferença significativa na média de neutralização entre idosos e profissionais ($p > 0,05$), o que representa um resultado extremamente positivo para o controle da doença, embora inicialmente inesperado em virtude da imunossenescência. **Conclusão:** Com base nos resultados obtidos, pode-se concluir que a vacinação com CoronaVac é capaz de induzir uma resposta imune humoral semelhante, com produção de anticorpos neutralizantes contra o SARS-CoV-2 em idosos e profissionais de instituições de longa permanência. A despeito da imunossenescência em muitas infecções semelhantes

apresentarem quantidades reduzidas de anticorpos, a vacina CoronaVac demonstrou semelhança na resposta imunológica de idosos e profissionais mais jovens.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2023.09.1533>

INVESTIGAÇÃO DO POLIMORFISMO RS12692386A/G DO GENE ADAM17 EM PACIENTES COM COVID-19

ACCH Cunha, LF Ananias, FB Vito,
ACDM Carneiro, HM Souza, SCSV Tanaka,
VR Junior

Universidade Federal do Triângulo Mineiro (UFTM),
Uberaba, MG, Brasil

Introdução: O gene ADAM17 é responsável pela liberação de moléculas que medeiam várias atividades biológicas promotoras de inflamação, frequentemente observada em indivíduos com COVID-19. O polimorfismo rs12692386A/G pode aumentar a expressão de ADAM17, influenciando a infecção pelo SARS-CoV-2. **Objetivo:** Investigar a presença do polimorfismo rs12692386A/G do gene ADAM17 em pacientes com COVID-19. **Materiais e métodos:** Este projeto foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa do Hospital de Clínicas da Universidade Federal do Triângulo Mineiro (CAAE 31328220.8.0000.8667). Foram analisadas 247 amostras de pacientes com COVID-19, atendidos em hospitais do município de Uberaba-MG, entre maio de 2020 a junho de 2021. As amostras foram agrupadas de acordo com o desfecho (alta ou óbito) e gravidade da doença (leve, moderado ou grave). A gravidade dos casos foi determinada segundo os critérios estabelecidos pelo Manual de Manejo Clínico da COVID-19 da Organização Mundial de Saúde. O DNA foi extraído das amostras de sangue periférico coletadas em tubo de EDTA, através do kit Wizard® Genomic DNA Purification Kit (Promega). A genotipagem foi realizada através da técnica de discriminação alélica por PCR em tempo real, com a utilização de sondas de hidrólise TaqMan (ThermoFisher Scientific). Variáveis contínuas foram descritas por média $\pm$ desvio padrão e as variáveis categóricas foram expressas através de porcentagem. Para variáveis qualitativas, as comparações estatísticas foram realizadas através do teste de Qui-Quadrado e a significância estatística foi definida como $p < 0,05$. **Resultados:** A mediana de idade dos pacientes foi de 57 anos (22 a 100 anos). Dos 247 pacientes, 105 eram mulheres, sendo 64 altas (27 leves, 25 moderadas e 11 graves) e 34 óbitos e 142 homens, sendo 90 altas (36 leves, 43 moderados e 11 graves) e 52 óbitos. Não foi observada associação entre os genótipos do polimorfismo rs12692386A/G do gene ADAM17 em relação à gravidade ou ao desfecho ($p = 0,23$ e $p = 0,06$, respectivamente) nos pacientes avaliados. **Discussão:** Pesquisas relacionadas a fatores genéticos demonstraram que polimorfismos funcionais do gene ADAM17 estão associados a diferentes respostas inflamatórias e no desenvolvimento de doenças. No caso da sepse, foi observado que a expressão de ADAM17 foi significativamente maior em pacientes com genótipos GA/GG para o polimorfismo rs12692386, em comparação com o genótipo AA, sugerindo que pode ser um polimorfismo potencialmente