

maior parte dos pesquisados eram eutróficos (50,5%), seguidos de sobrepeso (27,4%), obesidade (15,2%) e baixo peso (7%). Indivíduos com IMC normal e baixo peso, apresentaram duas e cinco vezes, respectivamente, mais chances de desenvolver efeitos adversos do que os indivíduos com sobrepeso. A vacina mais citada nas respostas nas quatro fases foi a Pfizer, com 44,7%, 49,2%, 67,2% e 55,4%, respectivamente. Em relação aos efeitos adversos, mais da metade dos vacinados relatou apresentar alguma reação em todas as doses, sendo 59,1% na primeira dose, 51,7% na segunda, 57,3% na terceira e 55,2% na quarta dose. Quando comparados os tipos de vacinas, observou-se que a CoronaVac apresentou na primeira e na segunda doses, menos efeitos adversos que a Atrazeneca ($p < 0,001$) e a Pfizer ($p < 0,001$). **Discussão:** Pessoas com peso normal apresentaram mais chance de desenvolver efeitos adversos do que pessoas com sobrepeso. Uma possível explicação pode ser o fato da amostra apresentar um número maior de pessoas eutróficas, e esse grupo ser mais exposto aos efeitos adversos, ou ainda, o tecido adiposo em excesso agir como um possível protetor nas pessoas obesas. Por outro lado, o IMC é um índice para avaliação do estado nutricional, mas que não oferece informações em relação ao percentual de gordura, podendo ser um fator limitante na explicação da ocorrência dos efeitos adversos. Indivíduos abaixo do peso também apresentaram mais chance de desenvolver efeitos adversos em relação aos indivíduos com sobrepeso, podendo este fato estar relacionado com o seu estado nutricional e com possíveis comprometimentos na resposta imunológica. Por fim, a CoronaVac apresentou menos relatos de efeitos adversos, demonstrando que esta vacina pode ser mais bem tolerada pela população, aumentando dessa forma, a adesão à vacinação. **Conclusão:** Conclui-se que mais da metade dos indivíduos apresentou algum tipo de reação aos imunizantes, sendo a CoronaVac a vacina mais bem tolerada, e que indivíduos com sobrepeso apresentaram duas vezes menos chance de desenvolverem reações adversas às vacinas.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2023.09.1536>

ANÁLISE IN SILICO DE MICRORNAS POTENCIALMENTE RELACIONADOS À TEMPESTADE DE CITOCINAS EM PACIENTES COM COVID-19

BF Piellusch^a, AE Alagbe^b, FF Costa^c,
DM Albuquerque^c, MNN Santos^a

^a Departamento de Patologia Clínica, Faculdade de Ciências Médicas, Universidade de Campinas (Unicamp), Campinas, SP, Brasil

^b Vascular Medicine Institute, Department of Medicine, University of Pittsburgh, Pittsburgh, PA, EUA

^c Centro de Hematologia e Hemoterapia (Hemocentro), Universidade de Campinas (Unicamp), Campinas, SP, Brasil

A COVID-19, causada pelo coronavírus SARS-CoV-2, tem sido um desafio global sem precedentes, resultando em milhões

de infecções e perdas de vidas em todo o mundo. Um aspecto importante da doença é a tempestade de citocinas, caracterizada pela resposta inflamatória exacerbada que pode levar a danos relevantes nos órgãos e agravar o quadro clínico dos pacientes. Nesse contexto, os microRNAs (miRNAs) emergiram como uma abordagem promissora para compreender e potencialmente controlar esse fenômeno através da regulação pós-transcricional de citocinas inflamatórias. O objetivo do trabalho foi realizar análise *in silico* para identificar possíveis miRNAs que podem controlar a expressão de citocinas envolvidas com a tempestade de citocinas presente na COVID-19. A análise *in silico* foi realizada utilizando os softwares miRWalk e RNAhybrid, que consideram a complementaridade de sequência e a energia de ligação (MFE, do inglês minimum free energy) para identificar potenciais interações miRNA-alvo. Com a finalidade de selecionar as possíveis interações mais promissoras, os resultados obtidos pelo miRWalk foram filtrados pelo score ($> 0,95$) e pela presença de dados no banco de dados miRTarBase, que fornece informações sobre as relações já conhecidas entre os miRNAs e seus genes-alvo. O score fornecido pelo miRWalk é obtido usando uma técnica de aprendizado de máquina chamada random-forest, aplicada pelo algoritmo TarPmiR para prever sítios alvo de miRNA. Essa pontuação representa a probabilidade de que a interação entre o miRNA e o sítio alvo seja funcional. Para as análises no RNAhybrid, foram consideradas MFE inferiores a $-20,0$ kcal/mol (valores mais negativos indicam uma maior tendência para a formação das interações de pareamento de bases). Em um estudo prévio do nosso grupo de pesquisa (dados não publicados), os níveis das citocinas pró-inflamatórias IL-6, IL-8, TNF α , IFN γ e IL-17 estavam elevados no grupo categorizado como pacientes críticos, em comparação aos pacientes de menor gravidade. Essas citocinas foram consideradas para a análise *in silico*, resultando em: para IL-6 – miR-149-5p (MFE = $-27,7$), miR-125a-3p (MFE = $-28,1$) e miR-124-3p (MFE = $-26,2$); para IL-8 – miR-302c-3p (MFE = $-30,1$), miR-302d-3p (MFE = $-27,8$), miR-204-5p (MFE = $-25,7$), miR-202-3p (MFE = $-24,8$) e miR-1294 (MFE = $-25,5$); para TNF α – miR-34a-5p (MFE = $-30,8$) e miR-17-5p (MFE = $-34,9$); para IFN γ – apenas o miR-24-3p (MFE = $-29,0$); e para IL-17 foi encontrado o miR-16-1-3p (MFE = $-20,9$), porém, diferente dos demais, apresentou score inferior ao definido para a análise (score = $0,85$). Os miRNAs encontrados neste estudo computacional podem estar diminuídos nos pacientes em estado crítico, o que poderia levar à desregulação dos mRNAs dessas citocinas inflamatórias e, consequentemente, ao aumento de sua concentração plasmática. Vale ressaltar que esses resultados são fundamentados em predições de interação, sendo essencial a realização de estudos de expressão gênica de miRNA para confirmar se, de fato, os mesmos encontram-se diminuídos nesses pacientes. Esses achados podem fornecer informações valiosas sobre a regulação pós-transcricional dessas citocinas e podem ser relevantes para o desenvolvimento de estratégias terapêuticas mais precisas e eficazes na COVID-19.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2023.09.1537>