

retrospectivos, 6 são revisões bibliográficas, 5 cartas ao editor, 2 estudos de caso controle, um epidemiológico, um de coorte e uma pesquisa baseada em questionário. **Discussão:** Das 44 publicações analisadas neste trabalho, 29 alegaram existir algum nível de correlação entre o tipo sanguíneo e a infecção pela Covid-19 e 15 argumentaram contra essa associação. Sobre a Susceptibilidade, a maioria dos trabalhos traz que o tipo sanguíneo A é mais susceptível a ter suas células infectadas pelo vírus e o tipo sanguíneo O possui maiores mecanismos de proteção contra esta entrada. O antígeno A estimula a modulação de receptores contendo ácido siálico na membrana das células por meio de interações carboidrato-carboidrato, o que pode maximizar a ligação da proteína S na membrana celular e consequentemente a sua entrada na célula hospedeira. Além disso, existe uma semelhança estrutural significativa entre a subunidade 1 da proteína S e uma parte do antígeno A das células epiteliais, o que também pode levar a esta interação e influência na susceptibilidade. Já o fator protetivo relacionado ao tipo sanguíneo O vem que ao sair da célula, o vírus utiliza partes da própria membrana da célula hospedeira para criar a sua membrana. Ao fazer isso, ele pode acabar incorporando partes dos antígenos ABO na sua proteína S, criando epítomos. Ao sair desta célula e tentar infectar outras células de outros hospedeiros, estes epítomos podem ser reconhecidos por anticorpos sanguíneos naturais deste novo hospedeiro. Pessoas do tipo O possuem ambos anticorpos Anti-A e Anti-B, tendo maior capacidade de reconhecer estes epítomos em vírus que previamente infectaram indivíduos dos tipos A, B ou AB e agirem como neutralizadores, em um certo nível agindo de maneira protetiva. **Conclusão:** Os dados encontrados nos trabalhos contemplados nesta revisão sugerem uma maior susceptibilidade do tipo A à infecção e um maior efeito protetivo tanto na susceptibilidade quanto no desenvolvimento da doença em indivíduos do tipo O. Estas correlações existem, porém não são o suficiente para serem determinantes no processo da infecção pela Covid-19 e necessitam de mais pesquisas para elucidar esta associação e quais os seus mecanismos exatos.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2024.09.301>

#### ANÁLISE DA INFLUÊNCIA DOS GENES TBX21 E IFNG NA GRAVIDADE E NO DESFECHO DE INDIVÍDUOS INFECTADOS PELO SARS-COV-2

MR Ywamoto, LF Ananias, ACDM Carneiro, ACCH Cunha, CR Carminati, LQ Pereira, V Rodrigues-Júnior, SCSV Tanaka, H Moraes-Souza, FB Vito

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

**Objetivo:** Avaliar se a expressão dos genes codificadores do fator de transcrição T-bet (TBX21) e da citocina IFN- $\gamma$  (IFNG) está relacionada com o desfecho e a gravidade em pacientes com COVID-19. **Materiais e métodos:** Foram analisadas 92

amostras de sangue periférico de pacientes diagnosticados com COVID-19 em hospitais do município de Uberaba/MG no ano de 2020. A molécula de RNA foi extraída e quantificada por espectrofotometria e, em seguida, foi realizada a reação de transcrição reversa para a obtenção do DNA complementar (cDNA). A quantificação relativa dos genes TBX21 e IFNG foi avaliada utilizando a técnica de PCR em tempo real (RT-qPCR). **Resultados:** Em relação ao gene TBX21, a mediana da quantificação da expressão das amostras dos indivíduos que obtiveram alta foi 1,73 vezes maior do que aqueles que foram a óbito (0,033 versus 0,019) porém, a diferença não foi estatisticamente significativa ( $p=0,6774$ ); e, em relação ao gene IFNG, a mediana daqueles que foram a óbito foi 2,25 vezes maior do que os pacientes que receberam alta (0,004 versus 0,009), também sem significância estatística ( $p=0,4318$ ). Em relação à gravidade, o valor da mediana da quantificação da expressão do gene TBX21 em pacientes com quadro leve/moderado foi 2,11 vezes maior (0,038 versus 0,018), porém o resultado não foi significativo ( $p=0,3370$ ); quanto ao IFNG, o valor da mediana da expressão das amostras dos pacientes com quadro grave foi duas vezes maior (0,003 versus 0,006), mas, também, não estatisticamente significante ( $p=0,4631$ ). **Discussão:** É relatada na literatura que a infecção por SARS-CoV-2 contribui com uma condição hiper inflamatória conhecida como tempestade de citocinas resultante de uma maior expressão de citocinas pró-inflamatórias como IFN- $\gamma$ , que se relaciona com uma maior gravidade dos casos de paciente infectados. Em relação ao T-bet, não há um consenso a respeito de que variações em sua expressão estejam relacionadas a um determinado prognóstico na COVID-19. Apesar de não terem sido observadas diferenças estatisticamente significativas, sugerem que a maior expressão de IFN- $\gamma$  associa-se com a gravidade da doença, o que corrobora os resultados da literatura, justamente devido a formação da tempestade de citocinas. Considerando a expressão relativa de T-bet, os resultados sugerem que quanto maior a sua expressão relativa, melhor será o prognóstico, o que pode ser justificado por esse fator de transcrição estar relacionado à diferenciação dos linfócitos TCD4+ Th1, levando a uma maior resposta diante da infecção pelo vírus. **Conclusão:** Este estudo revelou que a expressão gênica de TBX21 e IFNG não estão relacionadas com a gravidade ou o desfecho de indivíduos com COVID-19, apesar dos resultados medianos indicarem associações, o que poderia ser confirmado por um aumento do número amostral e, assim, auxiliar na elucidação da resposta imune e terapêutica da infecção pelo SARS-CoV-2.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2024.09.302>

#### É POSSÍVEL PREDIZER OS FATORES DE RISCO EM PACIENTES INTERNADOS POR COVID—19 ATRAVÉS DA RELAÇÃO NEUTRÓFILO-LINFÓCITO?

MVL Stela <sup>a,b</sup>, MF Barros <sup>a,b</sup>