

submetidos a terapias complexas, como a CART-cell. O protocolo desenvolvido não só fornece uma estrutura sistemática e padronizada para a avaliação da composição corporal, mas também assegura que a equipe de nutricionistas siga práticas baseadas em evidências e recomendações atualizadas, o que facilita a comparação de dados e a aplicação de estratégias dietoterápicas adequadas, melhorando assim a gestão nutricional e os resultados clínicos dos pacientes. A padronização também promove a capacitação contínua da equipe e a integração dos dados no prontuário eletrônico, contribuindo para uma abordagem mais eficaz e coordenada no cuidado ao paciente. **Conclusão:** O protocolo desenvolvido demonstrou ser uma ferramenta eficaz para a avaliação da composição corporal em pacientes submetidos à terapia celular CART-cell. No entanto, são necessários alguns ajustes para otimizar sua aplicação contínua.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2024.09.2144>

POLIMORFISMOS GENÉTICOS E LEISHMANIOSE VISCERAL: UMA REVISÃO SISTEMÁTICA

MEN Taia, LF Ananias, ACDM Carneiro,
HM Souza, SCSV Tanaka

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

Objetivos: A leishmaniose visceral (LV) é uma doença causada por protozoários do complexo *Leishmania donovani*, de maior incidência em países em desenvolvimento. A progressiva urbanização alterou seu padrão de transmissão, que envolve contato dos insetos vetores com hospedeiros, como cães e humanos. A disseminação hematogênica e linfática do parasito leva à infecção das células do sistema fagocítico mononuclear, principalmente em baço, fígado e medula óssea, o que pode resultar em um quadro assintomático ou sintomático, com manifestações hematológicas consideráveis, como pancitopenia, hemólise e fibrinólise. A resposta imunológica do hospedeiro, influenciada por citocinas, estado nutricional, idade e predisposição genética desempenha um papel crucial no prognóstico. Estudos genéticos em populações endêmicas identificaram variantes cromossômicas associadas à suscetibilidade à LV ou à proteção contra esta, sugerindo uma relação direta da genética no desenvolvimento da infecção. **Material e métodos:** Esta revisão sistemática foi estruturada conforme o protocolo PRISMA. Foram incluídos artigos primários, do tipo caso-controle, cuja temática abordasse a relação entre polimorfismos genéticos em humanos e leishmaniose visceral, nos idiomas português, inglês ou espanhol, sem data limite de abrangência de publicação. A busca pelos estudos foi realizada nas bases de dados EMBASE, LILACS, PUBMED, SCIELO, SCOPUS e WEB OF SCIENCE, mediante as palavras-chave (“genetic polymorphism” OR “variant” OR “genetic variant” OR “SNP”) AND (“visceral leishmaniasis”). **Resultados:** Foram encontrados 3483 artigos, remanesecendo 16 após exclusão de duplicatas e de textos não pertinentes à revisão após leitura integral. As pesquisas foram realizadas majoritariamente na Índia e Irã, incluindo um total de 4197

indivíduos (1641 casos e 2556 controles), com predominância do sexo masculino e da terceira década de vida. Dentre as técnicas mais utilizadas na investigação de polimorfismos O sequenciamento direto e a PCR foram as técnicas mais comumente utilizadas na investigação dos polimorfismos genéticos. Foram identificados 16 genes e 51 polimorfismos genéticos, os quais codificam citocinas, proteínas do sistema complemento, receptores e carreadores imunológicos. Os polimorfismos estudados dos genes *IL22*, *IL4*, *TNF α* , *MIF*, *TLR4*, *SLC11A1* e *LT α* não demonstraram significância estatística ($p > 0,05$) em relação a maior risco ou proteção contra LV. Já polimorfismos nos genes *IL15*, *IL1 β* e *TLR9* foram associados à maior suscetibilidade à doença e os de *IL18*, *IL10* e *MBL2*, à maior proteção. Por fim, alguns polimorfismos nos genes *IL17*, *FCN2* e *TOLLIP* mostraram-se duais. **Discussão:** Polimorfismos em certos genes de mediadores inflamatórios podem alterar o reconhecimento e a resposta contra o parasita, resultando em reações inadequadas que favoreçam a progressão da leishmaniose visceral ou em efeitos benignos de controle ou supressão da resposta imune, de modo a modular a inflamação para evitar danos teciduais excessivos, contribuindo para um equilíbrio que favorece a proteção. A complexidade da regulação imunológica e a interação entre diferentes fatores genéticos e ambientais podem explicar essas respostas divergentes. **Conclusão:** A análise dos polimorfismos genéticos na LV destaca a complexidade da relação entre fatores genéticos e a resposta imunológica à infecção. Polimorfismos podem aumentar o risco de desenvolvimento e progressão da doença ou atuar como fatores protetores. Esses achados podem guiar estratégias terapêuticas mais precisas para LV.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2024.09.2145>

SUSCETIBILIDADE DE INDIVÍDUOS FENÓTIPO DUFFY-NEGATIVO À INFECÇÃO POR PLASMODIUM VIVAX: UMA REVISÃO SISTEMÁTICA

CGR Silva^a, IP Rodrigues^b, GR Carvalho^c,
JF Fonseca^d, MCFS Malta^e, CAS Menezes^a,
APL Mota^a

^a Faculdade de Farmácia da Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG), Belo Horizonte, MG, Brasil

^b Faculdade Santa Casa de Belo Horizonte, Belo Horizonte, MG, Brasil

^c Pontifícia Universidade Católica de Minas Gerais (PUC-MG), Belo Horizonte, Minas Gerais, Brasil

^d Centro Universitário UNA, Contagem, Minas Gerais, Brasil

^e Fundação Centro de Hematologia e Hemoterapia de Minas Gerais (Hemominas), Belo Horizonte, MG, Brasil

Objetivos: Avaliar as diferenças de suscetibilidade à malária pelo *Plasmodium vivax* entre indivíduos fenótipos Duffy -positivo e Duffy -negativo por meio de uma revisão sistemática da literatura. **Material e métodos:** Para realização da revisão sistemática foram utilizados os bancos de dados BVS (Biblioteca Virtual em Saúde), Pubmed e Scielo (Scientific Electronic