

Discussão: Foi evidenciado a possível reinfecção por SARS-CoV-2 em 7 participantes, como também 6 novas infecções nos casos controle. Tal achado, associado com o fato de que todos os participantes positivos estavam vacinados no período em que as amostras foram coletadas, sugere a tendência de que mesmo com a vacinação ainda é possível infectar-se pelo vírus, além de que a infecção prévia não confere imunidade duradoura, o que foi constatado também em outros estudos. Todavia, é interessante destacar que a maioria dos participantes infectados foram assintomáticos (84,6%), o que propõe que a vacinação promove a diminuição da gravidade dos casos. Os nossos achados também demonstraram que nas faixas etárias de 29 a 59 anos houveram mais participantes infectados, sendo justamente as faixas etárias expostas a situações de risco, possivelmente devido a necessidade de locomoção e trabalho. Ademais, o número apresentado de casos positivos pode ser em razão da diminuição das restrições de distanciamento social. **Conclusão:** As nossas análises, apesar de apontarem para o surgimento de novos casos de SARS-CoV-2 na população estudada, confirmaram o importante papel da vacinação, visto que foi observado a diminuição de indivíduos sintomáticos e casos graves. Por fim, em nossos resultados preliminares foram constatadas prováveis reinfecções pelo vírus, nas quais serão necessários testes adicionais para confirmação desse achado.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2022.09.1158>

PROTEÔMICA PLASMÁTICA QUANTITATIVA DE PACIENTES SOBREVIVENTES E NÃO SOBREVIVENTES DE COVID-19 INTERNADOS NO HOSPITAL REVELA POTENCIAIS BIOMARCADORES PROGNÓSTICOS E ALVOS TERAPÊUTICOS

DC Flora ^a, AD Valle ^a, HABS Pereira ^a, TF Garbieri ^a, LT Grizzo ^a, TJ Dionísio ^a, AL Leite ^b, DMC Rosa ^c, CF Santos ^a, MAR Buzalaf ^a

^a Departamento de Ciências Biológicas, Faculdade de Odontologia de Bauru, Universidade de São Paulo, Bauru, SP, Brasil

^b Nebraska Center for Integrated Biomolecular Communication, University of Nebraska-Lincoln, Lincoln, EUA

^c Hospital Estadual de Bauru, Bauru, SP, Brasil

O desenvolvimento de novas abordagens que permitam a avaliação precoce de quais casos de COVID-19 provavelmente se tornarão críticos e a descoberta de novos alvos terapêuticos são importantes. Neste estudo de coorte, foi avaliado o perfil proteômico e laboratorial do plasma de 163 pacientes internados no Hospital Estadual de Bauru (Bauru, SP, Brasil) entre 4 de maio e 4 de julho de 2020, que foram diagnosticados com COVID-19 por RT-PCR a partir de amostras de swab nasofaríngeo amostras. Amostras de plasma foram coletadas na admissão para análises laboratoriais de rotina e análise proteômica quantitativa *shotgun* livre de marcadores. De acordo com o curso da doença, os pacientes foram divididos em 3

grupos: a) Sintomas leves, com alta sem internação em unidade de terapia intensiva (UTI) (n=76); b) Sintomas graves, alta após admissão em UTI (n=56); c) Críticos, faleceram após admissão em UTI (n=31). Os glóbulos brancos e os neutrófilos foram significativamente maiores em pacientes graves e críticos em comparação com os leves. Os linfócitos foram significativamente menores nos pacientes críticos em relação aos leves e as plaquetas foram significativamente menores nos pacientes críticos em relação aos leves e graves. Ferritina, TGO, uréia e creatinina foram significativamente maiores nos pacientes críticos em relação aos leves e graves. Albumina, CPK, LDH e dímero D foram significativamente maiores nos pacientes graves e críticos em comparação aos leves. A PCR foi significativamente maior em pacientes graves em comparação com os leves. A análise proteômica revelou mudanças marcantes entre os grupos nas proteínas plasmáticas relacionadas à ativação do complemento, coagulação sanguínea, resposta inflamatória aguda e resposta imune. Pacientes críticos apresentaram níveis mais elevados de proteínas associadas CLEC4, CCL24, SAA1, SAA2, 2-M, PCR e níveis reduzidos de proteínas associadas ao sistema imune e complemento, como CD5L e VDBP, AHSG e PGLYRP2. Pacientes com sintomas leves apresentaram maiores níveis de proteínas protetoras, como PGLYRP2, APOH e PON-1. Nossos resultados indicam várias proteínas plasmáticas envolvidas na patogênese da COVID-19 que podem ser úteis para prever o prognóstico da doença quando analisadas na admissão dos pacientes no hospital. A validação de algumas destas. Confirmando-se o seu papel, as vias envolvendo estas proteínas podem ainda ser novos alvos terapêuticos em potencial para a COVID-19.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2022.09.1159>

INVESTIGAÇÃO DO GENE NR3C1 EM PACIENTES COM COVID-19

ALC Ferreira, ACCH Cunha, LQ Pereira, ACDM Carneiro, FB Vito, VR Junior, HM Souza, SCSV Tanaka

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

Objetivo: O presente trabalho tem por objetivo investigar o gene NR3C1, que codifica os receptores de Glicocorticoide (GCs), em indivíduos com COVID-19. **Material e Métodos:** Foram analisadas 58 amostras de pacientes com COVID-19, atendidos em hospitais do município de Uberaba – MG entre maio de 2020 a junho de 2021. Este projeto foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa do Hospital de Clínicas da Universidade Federal do Triângulo Mineiro e todos os participantes assinaram o Termo de Consentimento Livre e Esclarecido. A amostra foi agrupada de acordo com o desfecho (alta ou óbito) e gravidade da doença (leve, moderada ou grave). A determinação de gravidade dos casos foi realizada segundo os critérios estabelecidos no Manual de Manejo Clínico da COVID-19 da Organização Mundial de Saúde. Foram coletados um tubo de 04 mL de sangue periférico na admissão do paciente e a quantificação relativa do gene NR3C1 foi realizada por PCR em tempo real, utilizando o equipamento 7500