

ences according to the HLA- loci. Another interesting fact was that although some alleles appear more frequently in patients, they were not always the ones that reacted with greater intensity. **Conclusion:** We reported that the levels of  $MFI \geq 5,000$  is well-correlated with the results of CDC crossmatching for the HLA-A locus, whereas an  $MFI \geq 1,500$  is observed for the HLA-B and HLA-DR loci. Notwithstanding, it is worth mentioning that the pre-transplant MFI values are not the sole predictors for transplant outcome, since several other factors may interfere on the rejection process.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2020.10.480>

479

### GENES HLA-A, -B E -DR NO TRANSPLANTE ALOGÊNICO DE CÉLULAS TRONCO HEMATOPOIÉTICAS

P.R. Francelin<sup>a</sup>, C.M. Ayo<sup>a</sup>, J.V.P. Feliciano<sup>b</sup>, C.C. Manca<sup>b</sup>, O.R. Júnior<sup>a</sup>, L.C. Mattos<sup>a</sup>

<sup>a</sup> Faculdade de Medicina de São José do Rio Preto (FAMERP), São José do Rio Preto, SP, Brasil

<sup>b</sup> Hospital de Base, Faculdade de Medicina de São José do Rio Preto (FAMERP), São José do Rio Preto, SP, Brasil

**Objetivos:** O objetivo geral deste estudo foi verificar a associação entre os genes HLA e doenças hematológicas em pacientes submetidos ao transplante de células tronco hematopoiéticas. Seus objetivos específicos compreenderam: 1. Determinar a frequência dos grupos alélicos HLA-A, -B, -DRB1 em pacientes com leucemia mieloide aguda, leucemia linfóide aguda, anemia aplástica grave, linfoma de Hodgkin, linfoma não-Hodgkin, síndrome mielodisplásica e leucemia mielóide crônica, além de uma amostra de doadores voluntários de medula óssea. 2. Comparar as diferentes frequências alélicas entre os grupos de pacientes (leucemia mielóide aguda, leucemia linfóide aguda e anemia aplástica grave) com o grupo controle. **Materiais e métodos:** As frequências alélicas para os locus HLA-A, -B e -DRB1 foram analisadas em uma amostra de 221 pacientes submetidos ao transplante alogênico de células tronco hematopoiéticas do Hospital de Base de São José do Rio Preto e 200 doadores voluntários de medula óssea do Hemocentro de São José do Rio Preto. Os alelos HLA foram identificados pelo método PCR-rSSO de baixa resolução. O software ARLEQUIN foi utilizado no cálculo das frequências alélicas, e o teste exato de Fisher foi utilizado para comparações entre os grupos ( $p \leq 0,05$ ) de pacientes com leucemia mielóide aguda ( $n = 77$ ), leucemia linfóide aguda ( $n = 39$ ) e anemia aplástica grave ( $n = 27$ ). **Resultados:** Foram identificados 20 grupos de alelos para o locus HLA-A, 28 para HLA-B e 13 para HLA-DRB1. No grupo controle, os alelos mais frequentes para cada locus foram HLA-A\*02, HLA-B\*35 e HLA-DRB1\*11. Tanto no grupo de pacientes com leucemia mielóide aguda (OR = 0,38; IC 95% 0,21 – 0,68;  $p = 0,001$ ;  $pc = 0,022$ ) quanto em pacientes com anemia aplástica grave (OR = 0,14; IC 95% 0,02 – 0,54;  $p = 0,001$ ;  $pc = 0,011$ ) foram encontradas diferenças estatisticamente significantes na distribuição do alelo HLA-DRB1\*11. **Discussão:** As moléculas HLA (*Human Leucocyte Antigens*) são proteínas



codificadas por genes polimórficos e estão envolvidas na regulação das respostas imunes adaptativas. Seus polimorfismos são determinados por sequências de nucleotídeos hipervariáveis que resultam em dois ou mais alelos diferentes de um mesmo gene. Considerando que neoplasias malignas e doenças autoimunes são causadas, dentre outros fatores, por alterações estruturais do genoma e que mecanismos de evasão imune afetam a expressão e/ou a função dos genes HLA; é fundamental estabelecer relações entre os polimorfismos desse gene e a suscetibilidade e resistência a doenças. Estas potenciais relações podem esclarecer a contribuição dos genes HLA como fatores adicionais na fisiopatologia e no tratamento das mesmas. **Conclusão:** O alelo HLA-DRB1\*11 pode ser considerado um potencial fator imunogenético de proteção para o desenvolvimento de leucemia mieloide aguda e anemia aplástica grave na casuística analisada, sugerindo que esse alelo contribui na resposta imune adaptativa em eventos primários de desenvolvimento da neoplasia e da doença autoimune.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2020.10.481>

480

### MICROBIOTA INTESTINAL DE PACIENTES PEDIÁTRICOS SUBMETIDOS A TRANSPLANTE DE CÉLULAS-TRONCO HEMATOPOIÉTICAS

I.V.C. Morkis<sup>a,b</sup>, L.E. Daudt<sup>a,b</sup>, B.M. Vicente<sup>b</sup>, M. Habigzang<sup>b</sup>, P.O. Silva<sup>a</sup>, A.A. Paz<sup>a</sup>, F.F. Scherer<sup>a</sup>, M.B. Michalowski<sup>a,b</sup>

<sup>a</sup> Hospital de Clínicas de Porto Alegre (HCPA), Porto Alegre, RS, Brasil

<sup>b</sup> Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS), Porto Alegre, RS, Brasil

**Objetivos:** Estudos recentes demonstraram o impacto da microbiota intestinal na regulação da resposta imunológica, regulação do metabolismo do trato gastrointestinal (TGI) e proteção contra microorganismos patogênicos. Tendo em vista os impactos do transplante de células-tronco hematopoiéticas (TCTH) no TGI, o objetivo deste estudo foi avaliar o impacto do TCTH na microbiota intestinal de pacientes pediátricos. Este trabalho é continuação de um estudo previamente publicado dos mesmos autores. **Materiais e métodos:** Todos pacientes pediátricos que internaram na instituição para TCTH no período de abril de 2017 a novembro de 2018 foram convidados a participar do estudo. Nós coletamos duas amostras de fezes de cada indivíduo. A primeira coleta foi obtida no momento em que o paciente internou na Unidade, enquanto que a segunda foi no D28 pós TCTH. O critério de exclusão foi a falta de uma coleta adequada de fezes. As amostras foram congeladas a  $-80^{\circ}\text{C}$ , até o momento da extração do DNA bacteriano. A amplificação da região hipervariável V4 do gene 16S rRNA foi realizada a partir do DNA extraído. Os produtos de PCR foram sequenciados no equipamento Ion Torrent Personal Genome Machine (PGM) System (Life Technologies, Carlsbad, CA, USA). Os dados foram processados com o software QIIME, de acordo com as recomendações do Brazilian Microbiome Project (BMP). Foram calculados a abundância relativa, diversidade alfa (Chao-1,

