

hematológicos e bioquímicos via prontuário. A extração do DNA foi realizada através de amostra de sangue pelo método Brazol (13-BR188). A análise molecular para os polimorfismos genéticos para MTHFR C677T (rs1801133) e A1298C (rs1801131) e para SERPINA-1 G43A (rs6092) foi realizada pela técnica de PCR em tempo real (qPCR) sistema TaqMan® por meio da plataforma QuantStudio™6 (Applied Biosystems). Análise estatística foi realizada via software SPSS versão 23, pelo teste Chi-Quadrado, com nível de significância de 95%. **Resultados:** Dados demográficos demonstraram 48% de partos cesárea, 48% partos prematuros, 50% relataram não realização do pré-natal e 14,6% apresentaram pelo menos 1 ou mais episódios de aborto espontâneo. A frequência genotípica para C677T foi 38% heterozigotas (CT) e 12,4% homozigotas (TT); para A1298C 26,2% heterozigotas (AC) e 6,2% homozigotas (CC); para G43A 12,3% heterozigotas e 0,8% homozigota. As gestantes portadoras da C677T (TT) apresentaram razão de prevalência de 1,53 vezes de partos prematuros ($p=0,010$). As variantes A1298C e G43A não apresentaram associação. **Discussão:** A falta de acompanhamento pré-natal, principalmente na rede pública, aumenta o risco de intercorrências gestacionais, sendo um grave problema de saúde pública, e pode se dar por diversos fatores sociais, condições maternas e peculiaridades regionais em estrutura para prover o acesso ao atendimento. Foi encontrada uma maior frequência da C677T (rs1801133), diversos estudos apontam para uma distribuição heterogênea e étnico-geográfica, quando comparada com outros estados do Brasil. Não foram encontradas associação para a variante A1298C, o que corrobora com outros estudos na literatura, embora seus impactos no risco ao parto prematuro ainda não estejam esclarecidos. Há uma carência de dados com relação ao impacto de variantes genéticas envolvendo SERPINA-1 nesta população. **Conclusão:** A presença do genótipo MTHFR C677T (TT) pode atuar como fator de risco associado principalmente a prematuridade. Acreditamos que a caracterização genética desta população é fundamental para identificação e formulação de novas estratégias terapêuticas, prevenção e implantação de políticas públicas para oferecer melhor atenção e cuidados às gestantes para reduzir riscos associados a fatores inerentes de cada indivíduo.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2022.09.1108>

INFLUENCE OF IL-6 VARIANTS TO BLOOD-TRANSFUSION NUMBERS IN HEART DISEASES

EJS Freitas^a, AG Gbadamassi^b,
R Ramasawmy^{a,c}, MS Gonçalves^d,
JPM Neto^{a,b,e}

^a Programa de Pós-Graduação em Imunologia
Básica e Aplicada (PPGIBA/UFAM), Manaus, AM,
Brazil

^b Programa de Pós-Graduação em Ciências
Farmacêuticas (PPGCF/UFAM), Manaus, AM, Brazil

^c Faculdade de Medicina, Universidade Nilton Lins,
Manaus, AM, Brazil

^d Instituto Oswaldo Cruz Salvador (CPqGM),
Salvador, BA, Brazil

^e Programa de Pós-Graduação em Ciências
Aplicadas à Hematologia (PPGH-UEA/HEMOAM),
Manaus, AM, Brazil

Objectives: Investigate a possible association between SNVs of IL6 and IL-6 serum levels with clinical and laboratory data in adults with cardiovascular disease followed at the Hospital Universitário Francisca Mendes (HUFM) in Manaus – Amazonas. **Material e methods:** This study, a cross-sectional design, was carried out between March/2018 and October/2020. 159 patients with diagnosis, surgical intervention and treatment to some cardiomyopathies were included. Patients answered a questionnaire and provided blood sample. Hematological and biochemical data was obtained from the medical records. DNA extraction was performed by Brazol method (LGC Biotecnologia, SP Brazil). Analysis of SNVs was performed by real-time PCR (qPCR), TaqMan® system, and analyzed by QuantStudio™6 Flex Real-Time PCR System (Applied Biosystems) platform to the following IL-6 probes: rs2069832, rs2069835, rs2069845, rs2069849, rs1524107, rs1800795; at the Laboratório de Análise Especializada em Biologia Molecular (LAEBM) of the Universidade Federal do Amazonas (UFAM). **Results:** High IL-6 levels were observed among the patients. Furthermore, carriers of variant allele of each analyzed probe revealed slightly higher mean level of IL-6. The highest IL-6 serum levels were found in patients diagnosed with Angina Pectoris (25.65 ± 3.2 pg/mL), followed by Aortic Aneurysm (22.48 ± 3.86 pg/mL; $p=0.034$) and Acute Infarction of the Myocardium (23.03 ± 2.51 pg/mL; $p=0.017$). The AB blood group presented higher levels of IL-6 ($p=0.027$) in comparison with other groups. Patients that presented the variant allele “G” (rs2069832) had a higher prevalence ratio for blood transfusion; red blood cell transfusion (RR=4.41; 95% CI 1.65–11.75; $p=0.002$); platelet transfusion (RR=4.29; 95% CI 1.74–10.22; $p<0.001$); fresh plasma transfusion (RR=4.05; 95% CI 1.67–9.18; $p<0.001$) and cryoprecipitate transfusion (RR=4.23; 95% CI 1.69–10.57; $p<0.001$). **Discussion:** In the last 5 years, new technologies and GWAS studies have identified several changes related to cardiovascular diseases, with possible involvement of the ABO locus to acute myocardial infarction and possible cardiovascular biomarkers. The use of blood transfusions is a quality indicator in cardiac surgery, although no analyzed variant was associated with hospitalization and/or surgery success. The IL-6 levels were elevated in all studied patients, although slightly higher in those carriers of the mutant genotypes of each analyzed variant. High levels of IL-6 are reported in patients undergoing cardiac surgery and are recognized as an early biomarker of systemic inflammatory response after surgery. **Conclusion:** We found that IL-6 levels were elevated in all patients in the study, although higher in carriers of the variant genotype, although, no significant association between genotypes and IL-6 levels was found. The “AB” blood group presented the highest levels of IL-6. The presence of the variant allele “G” (rs2069832) was associated with an increased risk to blood transfusion.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2022.09.1109>