

revelou que, durante o período da pandemia, houve um aumento significativo na prevalência de obesidade entre os pacientes com DF, refletindo a tendência global de aumento de peso devido a fatores como mudanças nos hábitos alimentares e aumento do sedentarismo. Esses achados destacam a importância de um acompanhamento nutricional individualizado e de intervenções preventivas e de manejo para melhorar a saúde e a qualidade de vida dos pacientes com DF. A necessidade de uma abordagem multidisciplinar é evidente para enfrentar as complexidades do atendimento a essa população, especialmente em tempos de pandemia.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2024.09.2133>

POTENCIAL TERAPÊUTICO DO EXTRATO DE P. SIDOIDES NA MODULAÇÃO DA RESPOSTA IMUNE EM LINFÓCITOS CITOTÓXICOS CONTRA AS CÉLULAS TUMORAIS HEMATOLÓGICAS

LR Soares, IBLD Santos, RB Marques,
KFD Vicentine, TSF Assunção, H Moraes-Souza,
ACDM Carneiro, FB Vito

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

Objetivo: Este estudo teve como objetivo avaliar o efeito do EPs® 7630 na potencialização da atividade citotóxica dos linfócitos contra células tumorais hematológicas, visando contribuir para o desenvolvimento de estratégias terapêuticas complementares mais eficazes. **Material e métodos:** Para avaliar o efeito do EPs® 7630 (Kaloba®, Takeda Pharma Ltda) na potencialização da atividade citotóxica dos linfócitos contra células tumorais hematológicas, foi realizado um screening fitoquímico qualitativo para identificar fenóis totais, flavonóis, flavonas, flavanonas, cumarinas e alcalóides no extrato. Posteriormente, o ensaio de vermelho neutro foi conduzido para determinar o IC50 do EPs® 7630 em células tumorais hematológicas Raji (linfoma de Burkitt), K562 (leucemia mieloide aguda) e Jurkat (leucemia/linfoma de células T do adulto) e em células mononucleares do sangue periférico saudáveis (PBMCs). Além disso, ensaio de citotoxicidade foi realizado utilizando citometria de fluxo para analisar a capacidade dos linfócitos tratados com EPs® 7630 em induzir morte celular nas células tumorais hematológicas com a marcação de 7-AAD. Todos os testes foram realizados em triplicata. **Resultados:** Com exceção dos alcalóides, os resultados obtidos pelos testes fitoquímicos qualitativos confirmaram a presença dos demais metabólitos secundários avaliados no extrato. O IC50 variou entre as diferentes linhagens celulares, sendo 20,89 mg/mL para K562, 11,95 mg/mL para Jurkat e 12,52 mg/mL para Raji, enquanto as PBMCs apresentaram um valor de 18,76 mg/mL. Foi avaliado o efeito do EPs® 7630 na potencialização da capacidade citotóxica dos linfócitos: para a linhagem Raji, houve uma diferença significativa de indução de morte da célula-alvo entre o grupo não tratado (NT) e o grupo tratado com 100 µg/mL, indicando uma redução na viabilidade celular após o tratamento com essa concentração do extrato. **Discussão:** A presença de diversos

metabólitos secundários, exceto alcalóides, foi confirmada, sugerindo uma rica composição fitoquímica. A variação do IC50 entre as linhagens celulares com valores menores, Jurkat e Raji, destaca uma seletividade do extrato, o que é benéfico para minimizar a toxicidade em células saudáveis, conforme observado nas PBMCs. O efeito do EPs® 7630 em aumentar a capacidade citotóxica dos linfócitos, especialmente na linhagem Raji é relevante pois sugere um papel potencial do EPs® 7630 em terapias complementares para melhorar a resposta imunológica contra neoplasias hematológicas. **Conclusão:** Diante das evidências encontradas neste estudo, é possível afirmar que o EPs® 7630 demonstrou ser uma alternativa terapêutica complementar promissora para neoplasias hematológicas. A seletividade e baixa toxicidade observadas sugerem um efeito significativo no uso do P. sidoides para potencializar a atividade citotóxica dos linfócitos contra células tumorais.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2024.09.2134>

O IMPACTO DA IMPLANTAÇÃO DO DIAGNÓSTICO MOLECULAR NO TRATAMENTO DA SEPSE EM AMBIENTE HOSPITALAR

MA Garcia, EFGD Santos, FRR Correa, GT Berti,
JCI Gazola

Santa Casa de Misericórdia de Ourinhos, Ourinhos,
SP, Brasil

A sepse, uma das síndromes mais antigas estudadas pela medicina, é responsável por aproximadamente 11 milhões de mortes anuais no mundo, segundo a World Health Organization (WHO), no Brasil, são cerca de 240 mil mortes anuais, com uma taxa de mortalidade de 65%. O diagnóstico mais rápido e preciso de sepse atualmente é feito pela reação em cadeia da polimerase (PCR), embora o padrão ouro ainda seja a cultura microbiológica, provas bioquímicas e antibiograma; a PCR permite um diagnóstico precoce e mais sensível, detectando até quantidades mínimas de patógenos, sendo mais eficaz, permitindo a identificação específica de microrganismos e genes de resistência a antibióticos, auxiliando na escolha da antibioticoterapia adequada e evitando danos ao paciente. A Santa Casa da Misericórdia de Ourinhos (ASCMO) implementou essa tecnologia devido ao aumento de casos de sepse durante a pandemia de COVID-19, especialmente em pacientes em ventilação mecânica. A microbiologia convencional tem um tempo de resposta mais longo, o que motivou a busca por metodologias mais rápidas e confiáveis, como a detecção de marcadores genéticos de patógenos. **Objetivos:** Implantar diagnóstico molecular para a detecção de patógenos e seus genes de resistência, colaborando na prevenção e/ou melhoria dos quadros de sepse em pacientes da UTI da Santa Casa de Ourinhos, propondo uma abordagem mais eficaz às infecções. **Metodologia:** O estudo foi realizado com 30 amostras de pacientes da UTI da Santa Casa de Ourinhos entre maio e novembro de 2022, utilizando culturas bacterianas para a análise molecular. O método envolve amplificação simultânea de patógenos e genes de resistência

via PCR, seguida de hibridização reversa com sondas específicas (Flow Chip), o software HybriSoft analisa os resultados, identificando patógenos e genes de resistência. **Resultados:** Das 30 amostras, 26 foram positivas para patógenos como *Staphylococcus* spp., *Staphylococcus aureus*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Streptococcus* spp., *Enterobacteriaceae*, *Klebsiella pneumoniae*, *Enterococcus* spp. e *Escherichia coli*. Os genes de resistência detectados incluíram *MecA*, β -Lactamase SHV e β -Lactamase CTX-M. **Discussão:** O gene *MecA*, resistente à metilicina, foi o mais prevalente, encontrado em 16 amostras de *Staphylococcus* spp. Genes β -Lactamase SHV e CTX-M foram detectados em um paciente com *Klebsiella pneumoniae*, indicando resistência a várias penicilinas e cefalosporinas. A técnica Flow Chip mostrou alta sensibilidade na detecção de patógenos e genes de resistência, mas pode falhar em identificar genes na membrana ou parede celular das bactérias, o que o antibiograma pode detectar. **Conclusão:** O diagnóstico por PCR é mais rápido (cerca de 4 horas) comparado ao antibiograma (24-48 horas), sendo decisivo para o tratamento eficaz e rápido da sepse. O custo elevado do teste automatizado é justificado pelo melhor prognóstico e menor tempo de tratamento, destacando a importância da tecnologia molecular na gestão da sepse.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2024.09.2135>

ANÁLISE FILOGENÔMICA E RECONSTRUÇÃO FILOGENÉTICA DO GÊNERO ENTEROCOCCUS

MBC Mascarenhas^a, YVC Mascarenhas^b,
VAS Ceballos^a, SC Soares^a

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

^b Universidade Federal de São Paulo (UNIFESP), São Paulo, SP, Brasil

Objetivo: Realizar análises de filogenômica para posterior análises de plasticidade genômica em linhagens de *Enterococcus*. **Materiais e métodos:** Foram utilizados genomas de 31 espécies do gênero *Enterococcus* que se encontram depositados em um banco de dados público, o RefSeq do National Center for Biotechnology Information (NCBI) e os mesmos foram utilizados para selecionar os genomas de referência através de informações pré-fornecidas pelo NCBI. Com essas informações estabelecidas, utilizamos o software Gegenees, em que os genomas foram fragmentados utilizando um comprimento em pares de bases pré-definidas. E esses resultados foram plotados no software SplitsTree para inferência das árvores filogenéticas, facilitando a visualização. **Resultados:** O mapa de calor gerado pelo software Gegenees demonstra valores que indicam o grau de similaridade entre eles a nível de nucleotídeos, representados em cores. Após a fragmentação dos genomas, os mesmos foram alinhados e tiveram todas as suas partes comparadas contra todos os genomas incluídos na análise, resultando em 1.024 comparações. O resultado do Gegenees contou com 31 espécies do gênero *Enterococcus* mais um *outgroup*, totalizando 32 espécies. **Discussão:** O heatmap gerado demonstra baixa similaridade das espécies, por apresentarem coloração avermelhada, contudo cinco grupos

se destacam por apresentarem maior similaridade, observados na coloração alaranjada. E, para melhor visualização, o resultado foi plotado no SplitsTree criando um dendograma. A árvore filogenética foi construída pelo método de Neighbor-Joining (NJ). As ramificações representam uma maior proximidade entre as espécies (fração correspondente às posições alinhadas). A formação dos 5 clados são os mesmos descritos no heatmap anterior, e o *outgroup*, representado pelo *Streptococcus salivaris*, como era de se esperar, não entrou na ramificação, servindo apenas para enraizar o dendograma. **Conclusão:** As espécies analisadas apresentam baixa similaridade entre si indicando que os organismos são geneticamente distintos e/ou evolutivamente distantes.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2024.09.2136>

SELETIVIDADE DO MULTI-INIBIDOR DE TIROSINAQUINASE TKI-258 PARA LINHAGENS DE NEOPLASIAS HEMATOLÓGICAS

IS Carvalho, GAF Salgado, MMD Moura,
VO Crema, H Moraes-Souza, FB Vito,
ACDM Carneiro

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

Objetivos: Atualmente, o emprego de inibidores de tirosina quinase (TKIs) constitui uma importante opção terapêutica para neoplasias hematológicas. O TKI-258 é um inibidor multi-alvos em fase de estudos que apresenta potencial como quimioterápico para diversos tipos de neoplasias. O índice de seletividade (IS) é um parâmetro bem estabelecido para avaliar a janela entre a citotoxicidade e o efeito antineoplásico de diferentes drogas. O objetivo deste estudo é determinar os índices de citotoxicidade do TKI-258 em diferentes linhagens celulares oncohematológicas e avaliar a seletividade da droga às células tumorais em relação a linfócitos de indivíduos saudáveis. **Material e métodos:** Foram utilizadas células das linhagens K-562 de leucemia mieloide crônica (LMC), Jurkat de leucemia linfóide aguda (LLA) e Raji de linfoma de Burkitt, bem como células mononucleares de sangue periférico (PBMcs) separadas a centrifugação em gradiente de concentração por Ficoll-Paque™. As células foram mantidas em incubadora úmida a 37°C em meio RPMI-1640 contendo 10% de soro fetal bovino, penicilina e estreptomicina 100 UI/mL e, então, 1x10⁵ células controle e tratadas com TKI-258, em concentrações de 0,25 μ M, 0,5 μ M, 1 μ M, 2 μ M e 4 μ M, foram semeadas por poço e mantidas por 36 horas. Os índices de citotoxicidade (IC50) foram determinados por citometria de fluxo por meio da marcação com iodeto de propídio, marcador de morte celular, e calculados a partir de testes de regressão não linear. O programa GraphPad Prism 9.0.0 foi utilizado para as análises estatísticas. Os IS's foram obtidos a partir da razão entre a citotoxicidade para PBMcs (CC50) e para células neoplásicas (IC50). **Resultados:** O CC50 do TKI-258 em PBMcs foi de 1,702 ($r=0,9696$). Em células K562, o IC50 foi de 2,229 ($r=0,8286$); em células Jurkat, de 1,850 ($r=0,8867$); e em células Raji, de 0,7623 ($r=0,8246$). O índice de seletividade da droga para as diferentes linhagens foi de 0,76, 0,92 e 2,23,