

obtida após primovacinação para COVID-19, com foco na maturação de linfócitos B e níveis de anticorpos neutralizantes. **Material e métodos:** Amostras de sangue periférico (SP) de 34 homens (18 a 49 anos) não imunes ao SARS-CoV-2 foram coletadas pré e pós-imunização para COVID-19 (ChAdOx1), perfazendo três momentos (M1: pré-vacinação/suplementação; M2: 30 dias após 1ª dose da vacina; M3: 30 dias após 2ª dose). Os participantes foram divididos em dois grupos: G1 (Controle, suplementado com placebo; n = 12) e G2 (Tratado, suplementado com β -glucana–500 mg/dia; n = 16). A suplementação foi realizada por 14 dias, 7 antes e 7 após a 1ª dose da vacina. A caracterização imunofenotípica foi feita por citometria de fluxo em SP para avaliação de plasmoblastos/plasmócitos (PB/PC) com uso dos marcadores CD45/CD19/CD27/CD38. A determinação do percentual de anticorpos neutralizantes (NAbs) ao SARS-CoV-2 foi realizada por ELISA em M2 e M3. **Resultados:** Observou-se que a população de PB/PC em M3 mostrou-se aumentada em G1 ($p = 0,01061$). Entretanto, houve uma correlação negativa entre os níveis de PB/PC e o percentual de NAbs em G2 (Cor: -0,7746185), ou seja, quanto menores os níveis de PB/PC circulantes, maiores os níveis de NAbs. **Discussão:** TRIM caracteriza-se em pré-condicionar células imune inatas com estímulo prévio (como β -glucanas), visando aumentar a robustez das respostas imunes, o que leva a reagirem mais rápido quando desafiadas com estímulo heterólogo e secundário, servindo como estratégia potente para protocolos de vacinação. A transformação de LB em plasmoblastos ocorre como consequência de modificações morfológicas e epigenéticas que induz à alta síntese proteica, visando a produção de anticorpos. Plasmoblastos recém-gerados precisam migrar através do SP até nichos na medula óssea ou tecidos da mucosa para completar a sua diferenciação em células secretoras de anticorpos, os plasmócitos. Assim, os níveis destas células circulantes podem ser influenciados por esta migração. **Conclusão:** De fato, nossos resultados corroboram com esta premissa, considerando os maiores níveis de NAbs e menor frequência de PB/PC circulantes de G2 após imunização completa. O que nos leva a inferir que as β -glucanas induziram TRIM favorecendo a aceleração da resposta imune frente ao estímulo (vacina), tornando-a mais eficiente no desenvolvimento de anticorpos funcionais anti-SARS-CoV-2.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2024.09.2156>

INVESTIGAÇÃO DOS POLIMORFISMOS RS2227982 C/T E RS36084323 G/A EM PACIENTES COM COVID-19

TT Souza, LF Ananias, ACDM Carneiro,
ACCH Cunha, FB Vito, VR Junior, HM Souza,
SCSV Tanaka

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

Objetivos: Avaliar os polimorfismos rs2227982 C/T e rs36084323 G/A do gene PDCD-1 em indivíduos com COVID-19. **Materiais e métodos:** Trata-se de estudo retrospectivo, observacional, onde foram analisadas 141 amostras coletadas entre maio de 2020 a junho de 2021, de pacientes diagnosticados com COVID-19 atendidos em hospitais do município de Uberaba – MG. As amostras foram agrupadas de acordo com a gravidade (leve ou grave) e desfecho (alta ou óbito). O DNA genômico foi obtido com a utilização de kit apropriado, seguindo as recomendações do fabricante, a partir de amostras de sangue total coletadas em tubo de EDTA. A genotipagem das amostras foi realizada por PCR em Tempo Real, por meio de discriminação alélica, através de ensaio fluorogênico 5'nuclease, com sondas TaqMan. As análises estatísticas foram realizadas usando Graphpad Prism (v.8) e consideradas significativas se $p < 0,05$. **Resultados:** Dos 141 pacientes, 73 (51,77%) receberam alta e 68 (48,23%) faleceram durante a internação, com mediana de idade de 54 (22-88) e 70 anos (31-99), respectivamente ($p < 0,0001$). Quanto ao polimorfismo rs2227982 C/T, a distribuição dos genótipos TT, CT e CC nos pacientes que receberam alta foi de 94,5% (69), 5,5% (4) e 0% (0), enquanto no grupo óbito foi de 94,1% (64), 5,9% (4) e 0% (0), respectivamente, sem diferença significativa ($p = 0,9177$). Com relação ao polimorfismo rs36084323 G/A, a distribuição dos genótipos GG, GA e AA nos pacientes que receberam alta, foi de 67,1% (49), 24,7% (18) e 8,2% (6), enquanto o grupo óbito foi de 73,5% (50), 22,1% (15) e 4,4% (3), respectivamente, também sem diferença significativa ($p = 0,57$). Em relação a gravidade, 64 pacientes (47,6%) foram classificados como leve, 77 (49,2%) como grave e com a seguinte distribuição genotípica: rs2227982 C/T 93,8% (60), 6,2% (4) e 0% (0) nos pacientes leves, 94,8% (73), 5,2% (4) e 0% (0) nos graves para os genótipos TT, CT e CC, respectivamente ($p = 0,78$) e rs36084323 G/A 64% (41), 26,6% (17) e 9,4% (6) nos pacientes leves, 75,3% (58), 20,8% (16) e 3,9% (3) nos graves para GG, GA e AA, respectivamente ($p = 0,25$). **Discussão:** A proteína de morte programada 1 (PD-1) está envolvida na regulação de células T, B e monócitos e a estimulação crônica dessa via pelo SARS-CoV-2 leva à exaustão imunológica, com redução das funções efetoras das células e progressão da doença. Os alelos rs2227982 C e rs36084323 G foram considerados fatores de proteção em pacientes com hepatite C com idade inferior a 56 anos. Além disso, o polimorfismo rs36084323 foi associado a maior risco de desenvolvimento de câncer de pulmão, enquanto o polimorfismo rs2227982 a cânceres do sistema digestivo. Embora não tenhamos encontrado associação entre os SNPs rs2227982 e rs36084323 com desfecho e gravidade em pacientes com COVID-19, é importante avaliar SNPs em genes importantes para o sistema imune, para melhor compreender o mecanismo molecular da doença. **Conclusão:** O presente estudo conclui que não há associação entre os polimorfismos rs2227982 C/T ou rs36084323 G/A e a COVID-19 na amostra analisada.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2024.09.2157>