

^b Colégio de Aplicação, Universidade Federal de Sergipe (UFS), Aracaju, SE, Brasil

Objetivo: O vírus SARS-CoV-2, causador da COVID-19, tem na sua estrutura um domínio da proteína spike (S) chamado de RBD que é onde acontece a ligação do vírus ao receptor da célula, resultando assim na entrada do vírus na célula. Para combater o vírus foram desenvolvidas vacinas, dentre as quais a CoronaVac, que tem como tecnologia o vírus inativado. O sistema imunológico dos idosos com o passar dos anos se torna mais suscetível a doenças por conta de um fenômeno conhecido como imunossenescência. O objetivo da pesquisa foi avaliar a imunidade humoral mediante a produção de anticorpos neutralizantes após um ano de vacinação em idosos e profissionais em instituições de longa permanência. **Materiais e métodos:** Foram incluídos no estudo os idosos institucionalizados que receberam o esquema vacinal completo da CoronaVac, bem como os profissionais que atuam no local. Para este estudo o critério para definição de idosos foi idade de acima de 60 anos, e para os profissionais que formaram o grupo controle a idade máxima estabelecida foi de 50 anos. Amostras de sangue periférico foram coletadas 360 dias após o esquema vacinal completo para a realização da sorologia para COVID-19 por imunoensaio de fluorescência (FIA) para a avaliação qualitativa da interferência dos anticorpos ligantes, COVID-19 nAb. **Resultados:** Foram selecionados 139 indivíduos para o estudo, 94 idosos e 45 profissionais, de duas ILPIs de Sergipe. Deste total, 41 amostras não foram coletadas, sendo incluídos para análise 90 indivíduos, 68 idosos e 22 profissionais. A maioria foi do sexo feminino (70%) com média de idade entre os idosos de 82 anos (60 e 100 anos) e a idade média dos profissionais 45 anos (30 e 50 anos). Trezentos e sessenta dias após a vacinação completa com Coronavac, com ou sem dose de reforço, os idosos apresentaram nAb anti-SARS-CoV-2 de 98,5% e os profissionais 100%. Não foi encontrada diferença significativa na média de neutralização entre idosos e profissionais ($p > 0,05$). **Discussão:** Ensaio sorológico para a detecção de anticorpos neutralizantes (nAb) são fundamentais para avaliar a resposta imune à vacinação, nesse estudo foi avaliado a presença de nAb anti-SARS-CoV-2 360 dias após a vacinação completa com Coronavac, com ou sem dose de reforço, os idosos apresentaram nAb anti-SARS-CoV-2 de 98,5% e os profissionais 100%. A presença desse anticorpo indica a reação imune a vacinação e pressupõe que essa reação irá exercer uma proteção em futuras exposições ao vírus. A idade é um fator determinante na resposta imune, fatores como a imunossenescência pode levar a uma redução do sistema imunológico em combater infecções, ou pode levar uma resposta imunológica menos eficiente no combate a vírus. No presente estudo não foi encontrada diferença significativa na média de neutralização entre idosos e profissionais ($p > 0,05$), o que representa um resultado extremamente positivo para o controle da doença, embora inicialmente inesperado em virtude da imunossenescência. **Conclusão:** Com base nos resultados obtidos, pode-se concluir que a vacinação com CoronaVac é capaz de induzir uma resposta imune humoral semelhante, com produção de anticorpos neutralizantes contra o SARS-CoV-2 em idosos e profissionais de instituições de longa permanência. A despeito da imunossenescência em muitas infecções semelhantes

apresentarem quantidades reduzidas de anticorpos, a vacina CoronaVac demonstrou semelhança na resposta imunológica de idosos e profissionais mais jovens.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2023.09.1533>

INVESTIGAÇÃO DO POLIMORFISMO RS12692386A/G DO GENE ADAM17 EM PACIENTES COM COVID-19

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

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

Introdução: O gene ADAM17 é responsável pela liberação de moléculas que medeiam várias atividades biológicas promotoras de inflamação, frequentemente observada em indivíduos com COVID-19. O polimorfismo rs12692386A/G pode aumentar a expressão de ADAM17, influenciando a infecção pelo SARS-CoV-2. **Objetivo:** Investigar a presença do polimorfismo rs12692386A/G do gene ADAM17 em pacientes com COVID-19. **Materiais e métodos:** Este projeto foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa do Hospital de Clínicas da Universidade Federal do Triângulo Mineiro (CAAE 31328220.8.0000.8667). Foram analisadas 247 amostras de pacientes com COVID-19, atendidos em hospitais do município de Uberaba-MG, entre maio de 2020 a junho de 2021. As amostras foram agrupadas de acordo com o desfecho (alta ou óbito) e gravidade da doença (leve, moderado ou grave). A gravidade dos casos foi determinada segundo os critérios estabelecidos pelo Manual de Manejo Clínico da COVID-19 da Organização Mundial de Saúde. O DNA foi extraído das amostras de sangue periférico coletadas em tubo de EDTA, através do kit Wizard® Genomic DNA Purification Kit (Promega). A genotipagem foi realizada através da técnica de discriminação alélica por PCR em tempo real, com a utilização de sondas de hidrólise TaqMan (ThermoFisher Scientific). Variáveis contínuas foram descritas por média $\pm$ desvio padrão e as variáveis categóricas foram expressas através de porcentagem. Para variáveis qualitativas, as comparações estatísticas foram realizadas através do teste de Qui-Quadrado e a significância estatística foi definida como $p < 0,05$. **Resultados:** A mediana de idade dos pacientes foi de 57 anos (22 a 100 anos). Dos 247 pacientes, 105 eram mulheres, sendo 64 altas (27 leves, 25 moderadas e 11 graves) e 34 óbitos e 142 homens, sendo 90 altas (36 leves, 43 moderados e 11 graves) e 52 óbitos. Não foi observada associação entre os genótipos do polimorfismo rs12692386A/G do gene ADAM17 em relação à gravidade ou ao desfecho ($p = 0,23$ e $p = 0,06$, respectivamente) nos pacientes avaliados. **Discussão:** Pesquisas relacionadas a fatores genéticos demonstraram que polimorfismos funcionais do gene ADAM17 estão associados a diferentes respostas inflamatórias e no desenvolvimento de doenças. No caso da sepse, foi observado que a expressão de ADAM17 foi significativamente maior em pacientes com genótipos GA/GG para o polimorfismo rs12692386, em comparação com o genótipo AA, sugerindo que pode ser um polimorfismo potencialmente

funcional. Apesar do presente estudo não ter observado diferença estatisticamente significativa para o polimorfismo rs12692386 em relação à COVID-19, esse gene tem um importante papel na infecção e no processo inflamatório por SARS-CoV-2. **Conclusão:** Este estudo não encontrou associação entre o polimorfismo rs12692386A/G do gene ADAM17 com a gravidade e desfecho em pacientes com COVID-19. Diante disso, estudos mais aprofundados são necessários para compreender como os fatores genéticos podem influenciar a suscetibilidade e a gravidade dessa doença.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2023.09.1534>

PAPEL DO GENE FURINA NA SUSCETIBILIDADE E EVOLUÇÃO DA INFECÇÃO PELO SARS-COV-2

GC Ventura, ACCH Cunha, ACDM Carneiro,
LF Ananias, FB Vito, VR Júnior, HM Souza,
SCSV Tanaka

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

Objetivo: Avaliar a expressão do gene *Furina* em indivíduos infectados por SARS-CoV-2, visto que trata-se de uma enzima que contribui para a entrada do vírus na célula hospedeira. **Métodos:** Este projeto foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa do Hospital de Clínicas da Universidade Federal do Triângulo Mineiro (CEP – HC-UFTM) (CAAE 31328220.8.0000.8667). O grupo de estudo foi composto por 44 indivíduos diagnosticados com COVID-19, atendidos em hospitais do município de Uberaba/MG e 12 indivíduos saudáveis. Foram coletados 10 mL de sangue periférico, por venopunção, em tubos contendo EDTA. A extração do RNA total foi realizada utilizando o kit SV Total RNA Isolation System (Promega™, Madison, Wisconsin, EUA), segundo as orientações do fabricante e a reação de transcrição reversa para obtenção do cDNA foi realizada utilizando kit High Capacity cDNA Reverse Transcription Kit (Applied Biosystems™). A quantificação relativa do gene *Furina* foi realizada por PCR em tempo real, utilizando o equipamento 7500 (Applied Biosystems™). O gene de referência *ACTB* foi utilizado como controle endógeno. Os ensaios contendo *primers* e sondas específicas para cada gene foram pré-desenhados pela Applied Biosystems, e os ensaios realizados conforme instruções do fabricante. A significância estatística foi definida como $p < 0,05$. **Resultados:** Participaram deste estudo 56 indivíduos, sendo 44 pacientes com COVID-19, dos quais 16 (36,4%) apresentaram quadro leve da doença e 28 (63,6%) grave, além de 12 controles. As medianas de idade foram 66 (38–88) para o grupo COVID-19 leve, 73 (26–100) para o grupo COVID-19 grave e 67 anos (26–67) para os controles. Em relação ao sexo, o grupo controle foi composto por nove mulheres (75%) e três homens (25%), enquanto no grupo COVID-19 por 24 mulheres (54,6% – nove com quadro leve e 15 grave) e 20 homens (45,4% – sete com doença leve e 13 grave). Não houve diferença significativa ($p = 0,73$) na expressão de *Furina* entre os grupos controle e COVID-19 e nem em relação aos controles e a gravidade (leve e grave) ($p = 0,06$). **Discussão:** Indivíduos infectados pelo SARS-CoV-2 apresentam fenótipo variado, com pacientes assintomáticos

ou com sintomas leves, mas também pacientes que apresentam pneumonia grave e necessidade de internação em unidade de terapia intensiva (UTI). Essa heterogeneidade pode ser parcialmente explicada pela genética do hospedeiro que pode influenciar na vulnerabilidade à infecção ou modular a resposta imunológica. A furina é uma protease celular utilizada por uma série de patógenos para processar suas proteínas de envelope. Assim, devido as suas funções, este gene é um candidato a regular o risco de gravidade na COVID-19. Embora no presente estudo não tenhamos encontrado diferenças na sua expressão entre os grupos analisados, já foi demonstrado que essa protease desempenha importante papel na biologia do SARS-CoV-2 devido ao seu papel fundamental no processamento da proteína Spike durante a montagem da partícula viral. Isso faz com que a furina contribua indiretamente nos mecanismos de disseminação viral, evasão imune, resposta inflamatória, e têm sido relacionada com a linfopenia que caracteriza a COVID-19 grave. **Conclusão:** Não há relação entre a expressão de *Furina* na suscetibilidade e evolução da infecção por SARS-CoV-2 na amostra analisada.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2023.09.1535>

ANÁLISE DA RELAÇÃO ENTRE A MASSA CORPORAL E OS EFEITOS ADVERSOS DAS VACINAS CONTRA A COVID-19

MBO Cerqueira, CR Santos, NL Silva,
MS Rezende, JTCD Santos, VVS Lemos,
JLJ Santos, JCA Santos, MES Grigoletto,
DM Schimieguel

Universidade Federal de Sergipe (UFS), Aracaju, SE,
Brasil

Objetivo: No final do ano de 2019 foi relatado o primeiro caso de COVID-19, causado pelo vírus SARS-CoV-2. Com a propagação do vírus, estratégias de contenção da pandemia foram discutidas, sendo a vacinação em massa a solução mais eficaz. Alguns indivíduos apresentaram efeitos adversos após a aplicação da vacina. Porém, não há evidências concretas que relacionem dose dos imunizantes com estatura, massa corporal e efeitos adversos. Neste sentido, o presente trabalho tem como objetivo identificar a relação entre massa corporal e os efeitos adversos apresentados após vacinação. **Materiais e métodos:** A pesquisa foi realizada por meio de um questionário online pela plataforma GoogleForms, pelo método de bola de neve virtual não probabilístico. Os participantes da pesquisa foram recrutados em redes sociais do Brasil, com divulgação através de instituições, grupos de pesquisa e dos pesquisadores. Foram incluídos indivíduos de ambos os sexos, maiores de 18 anos, que tenham tomado pelo menos uma dose do imunizante e concordado em responder ao questionário, assinando o TCLE virtual. Os dados coletados foram: idade, peso, altura, cálculo do IMC, tipo de vacina, número de doses, e ocorrência de efeitos adversos aos diferentes tipos de vacinas. **Resultados:** No total, 442 indivíduos responderam ao questionário, sendo a maioria, 321 (73%) do sexo feminino. A idade variou entre 18 e 75 anos ($M = 33$). A