

ID - 28

INFLUÊNCIA DA EXPRESSÃO DE GENES IMUNORREGULADORES NEGATIVOS EM PACIENTES COM LINFOMA NÃO HODGKIN

TT De Souza, LF Ananias, MFS Fernandes, BMBS Raimundo, ML Calado, ACDM Carneiro, SCSV Tanaka, H Moraes-Souza, FB De Vito

Universidade Federal do Triângulo Mineiro, Uberaba, MG, Brasil

Introdução: O linfoma não Hodgkin (LNH) é um tipo de câncer que se origina nas células do sistema linfático. Genes imunorreguladores são peças-chave nesse cenário, modulando a atividade das células de defesa do nosso corpo. **Objetivo:** Avaliar a expressão de genes imunorreguladores (MARCH1, HAVCR2, PDCD1, CTLA4, KIR3DL1 e FOXP3) em pacientes com LNH. **Material e método:** Trata-se de um estudo retrospectivo e observacional, com análise de 25 pacientes diagnosticados com LNH e 28 indivíduos saudáveis no município de Uberaba/MG. As amostras dos pacientes foram coletadas antes do início do tratamento e agrupadas de acordo com o grau histológico baixo (LNHBG) ou alto (LNHAG) e desfecho (sobreviventes ou óbito). O RNA total foi extraído do sangue periférico e transcrito com posterior quantificação dos genes MARCH1, HAVCR2, PDCD1, CTLA4, KIR3DL1 e FOXP3 por PCR em tempo real, utilizando-se sondas TaqMan. O gene de referência ACTB foi utilizado como controle endógeno. As análises estatísticas foram realizadas por meio do software Graphpad Prism (v.8) e as diferenças consideradas significativas quando $p < 0,05$. **Resultados:** Dos 25 pacientes, 5 (20%) foram classificados como LNHBG e 20 (80%) como LNHAG, com mediana de idade de 61 anos (36-80) e 57 anos (22-92), respectivamente. Quanto ao grupo controle, a mediana de idade foi de 54 anos (28-75). Analisando a variação de expressão dos genes em pacientes com LNH vs. controle, não se observou diferença significativa entre os grupos. Já em relação ao grau histológico, o gene HAVCR2 esteve mais expresso em pacientes com LNHAG ($p = 0,0103$), enquanto os demais genes não apresentaram alterações significativas. Em relação ao desfecho, observou-se uma maior expressão de FOXP3 em pacientes que foram a óbito comparado aos que sobreviveram ($p = 0,0103$), não sendo observadas alterações significativas nos demais genes analisados. **Discussão e conclusão:** O presente estudo investigou genes que regulam a resposta do sistema imunológico, com impacto direto em doenças autoimunes e no câncer. Esperava-se que alguns desses genes estivessem mais ativos, e dois deles se destacaram. O primeiro, HAVCR2, codifica uma proteína que atua como um receptor inibitório em células do sistema imunológico, principalmente nas células T. Essa função poderia ser explorada pelos tumores para escapar do sistema imune, justificando a maior expressão deste gene em pacientes com LNHAG. Outro gene destacado foi o FOXP3, expresso por células T reguladoras, que mantém a tolerância imunológica e suprimem a resposta antitumoral. Sua maior expressão nos pacientes que evoluíram a óbito poderia indicar uma supressão imunológica mais intensa nesses casos. Esses achados mostram potenciais mecanismos de escape tumoral

e possíveis alvos terapêuticos no contexto do linfoma. A expressão dos genes MARCH1, PDCD1, KIR3DL1 e CTLA4 não apresentaram relações significativas nos grupos analisados, possivelmente devido a limitações amostrais. Estudos futuros com coortes expandidas são essenciais para confirmar o potencial desses genes. Não foi observada diferença significativa na expressão dos genes avaliados entre pacientes com linfoma e indivíduos saudáveis na coorte avaliada. Entretanto, foi observada uma associação dos genes HAVCR2 e FOXP3 com a agressividade tumoral e a mortalidade, respectivamente. **Apoio financeiro:** UFTM, FAPEMIG.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2025.105179>

ID - 2581

MAPEAMENTO DE RISCOS TOXICOLÓGICOS E CARCINOGENÉTICOS EM ADITIVOS ALIMENTARES

ACG Lavor^a, JVG Gonçalves^a, SC Carneiro^a, LUP Cardoso^b, PRC Passos^a, NG Oliveira^a, RTG Oliveira^a, CLA Araújo^a, SMM Magalhães^a, RP Feitosa^a

^a Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, CE, Brasil

^b Centro Universitário Christus, Fortaleza, CE, Brasil

Introdução: O câncer representa um dos principais desafios para a saúde pública global, dada sua crescente incidência na população. A etiologia da doença é multifatorial, envolvendo a interação complexa entre predisposição genética, influência de exposições ambientais e alterações epigenéticas, que contribuem para a desregulação dos mecanismos celulares e o desenvolvimento neoplásico. Nesse contexto, o conceito do exposoma humano relaciona a forma como as exposições ambientais interferem de forma deletéria e progressiva na saúde dos indivíduos, desde sua vida pré-natal até sua morte, induzindo o desencadeamento de múltiplas doenças crônicas. Assim, a dimensão alimentar do exposoma é relevante importância, sobretudo em populações mais industrializadas e consumidores de alimentos processados ricos em aditivos alimentares. Para a formulação da legislação nacional relacionada ao uso de aditivos alimentares, bem como para a definição de limites seguros de ingestão, a Anvisa adota as recomendações e diretrizes estabelecidas pela OMS, à qual a IARC é associada. Muitos desses aditivos têm sido apontados como fatores de risco para o desenvolvimento de doenças crônicas, como inflamação crônica, diabetes e até mesmo câncer. **Objetivo:** Este trabalho busca explorar o conceito de exposoma no âmbito da alimentação moderna, rica em alimentos industrializados, avaliando como o consumo de certas substâncias atualmente apontadas como potencialmente tóxicas. **Material e método:** Realizou-se uma coleta de dados transversal que avaliasse fidedignamente a alimentação local, descrevendo a composição de múltiplos alimentos industrializados, ricos em aditivos alimentares. **Resultados:** O presente estudo analisou a composição de 1050 produtos e