



RESUMOS69



RESUMOS

AVALIAÇÃO DE POLIMORFISMOS DE BASE ÚNICA NO GENE IL17A E SUA ASSOCIAÇÃO CLÍNICO-LABORATORIAL COM A LEISHMANIOSE VISCERAL	70
POLIMORFISMO IL17A (RS2275913) NÃO INFLUENCIA NAS MANIFESTAÇÕES CLÍNICAS-LABORATORIAIS DA TUBERCULOSE	71
POLIMORFISMO TGFB1 +29 NÃO INFLUENCIA NA GRAVIDADE DA LEISHMANIOSE VISCERAL	72

AVALIAÇÃO DE POLIMORFISMOS DE BASE ÚNICA NO GENE IL17A E SUA ASSOCIAÇÃO CLÍNICO-LABORATORIAL COM A LEISHMANIOSE VISCERAL

YARA FELIPPE BUENO CROSCIOLI
JOAO GUILHERME ARAUJO MATARAZO
LUIZ EURIBEL PRESTES CARNEIRO
THAÍS BATISTA DE CARVALHO
ELIANA PERESI LORDELO

A leishmaniose é uma doença tropical negligenciada, afetando populações vulneráveis e, a resposta imune frente ao protozoário é complexa. Dentre as citocinas que participam, a IL-17 possui um papel controverso, divergindo entre proteção e susceptibilidade à doença. Ainda não está claro o papel da IL-17 na leishmaniose visceral, e polimorfismos gênicos de base única (SNPs) presentes em seu gene poderiam predispor indivíduos a doença ou influenciar na resposta ao tratamento. Desta forma, a associação de SNPs no gene IL17A com a avaliação clínica-laboratorial de pacientes com leishmaniose visceral poderá contribuir para um melhor entendimento da doença. Avaliar a influência de SNPs no gene IL17A em pacientes com leishmaniose visceral sob parâmetros laboratoriais. Foram genotipados 28 pacientes com diagnóstico comprovado para leishmaniose visceral, por quadro clínico-epidemiológico e/ou diagnóstico imunológico, considerados curados e acompanhados pós-tratamento. Foram estudados os SNPs IL17A (rs2275913) e (rs7747909) por PCR em tempo real através da técnica de discriminação alélica. Os dados laboratoriais empregados para as análises foram coletados por levantamento dos prontuários, no período de diagnóstico da doença de cada paciente. Para a análise dos resultados laboratoriais em relação aos genótipos foi realizado o teste de Mann-Whitney. Foram considerados valores significativos $p < 0,05$. CAAE 56447622.5.0000.5515 Pacientes com genótipo GG para o SNP IL17A (rs7747909) apresentaram contagem de leucócitos maior que os pacientes com genótipo GA/AA ($p=0,0218$), assim como, os indivíduos com o genótipo GG do SNP IL17A (rs2275913), em relação aos que apresentavam genótipo GA/AA ($p=0,0374$). Não foram observadas associações com outros parâmetros laboratoriais. Polimorfismos presentes no gene IL17A apresentam um efeito funcional sobre o número de leucócitos de pacientes com leishmaniose visceral. Protocolo CAAE: 56447622.5.0000.5515

POLIMORFISMO IL17A (RS2275913) NÃO INFLUENCIA NAS MANIFESTAÇÕES CLÍNICAS-
LABORATORIAIS DA TUBERCULOSE

SUELEN APARECIDA FELICIO

JOAO GUILHERME ARAUJO MATARAZO

ELIANA PERESI LORDELO

A IL-17A, um produto do subconjunto Th17, é uma citocina de via alternativa para ativação de macrófagos e, possui ação pró-inflamatória essencial, atuando no recrutamento de granulócitos para o local de infecção dos tecidos acometidos. A presença de células Th17 favorece a resposta imune adaptativa contra o *Mycobacterium tuberculosis* em indivíduos infectados e em pacientes com doença ativa e é fundamental para dissipar a infecção primária e contribuir para o estabelecimento eficaz de memória imunológica. Alguns polimorfismos de base única (SNP) nos genes das citocinas apresentam potencialidade para afetar a expressão gênica e/ou a atividade biológica da respectiva citocina, e existem evidências da associação de diferentes SNPs com a TB em diversas populações diferentes. Avaliar o polimorfismo de base única IL17A (rs2275913) na tuberculose e sua associação clínico-laboratorial. Foram genotipados 35 pacientes com tuberculose e 32 controles através da técnica de discriminação alélica por PCR em tempo real. Os dados clínicos e radiológicos foram obtidos através da coleta de prontuário. As análises foram realizadas pelo teste de Fisher, considerando valores significativos $p < 0,05$. CAAE: 37457220.6.0000.5515 O alelo G foi mais frequente (46%) que o alelo A (30%) nos pacientes e também foi mais frequente nos controles, alelo G (75%) e alelo A (25%), entretanto não houve distribuição significativa ($p=0,5592$) na distribuição dos genótipos, o genótipo GA foi mais frequente em pacientes (54,55%) e o genótipo GG foi mais frequente em controles (59,38%) e essa distribuição também não foi significativa ($p=0,2179$) em cada grupo de estudo. Realizamos a análise de diferentes genótipos em relação à associação clínica-laboratorial da doença e não houve associação significativa com os diferentes genótipos em relação à avaliação clínica ($p=0,7167$), presença do *M. tuberculosis* ($p=0,9999$) e do diagnóstico por imagem ($p=0,6424$) O SNP IL17A (rs2275913) não influencia nas manifestações clínicas-laboratoriais da tuberculose. Órgão de fomento financiador da pesquisa: Associação Prudentina de Educação e Cultura/Apec (Procolo:6436) Protocolo CAAE: 37457220.6.0000.5515

POLIMORFISMO TGFB1 +29 NÃO INFLUENCIA NA GRAVIDADE DA LEISHMANIOSE VISCERAL

CLAUDIO RAMOS DOS SANTOS

ANA CAROLINE LOPES LEITE

JOAO GUILHERME ARAUJO MATARAZO

LUIZ EURIBEL PRESTES CARNEIRO

THAÍS BATISTA DE CARVALHO

ELIANA PERESI LORDELO

A leishmaniose visceral (LV) é uma doença de ampla distribuição mundial e, a resposta imune protetora está associada à produção de citocinas inflamatórias, como a IL-17A. Em contrapartida, a suscetibilidade está relacionada com a indução de citocinas anti-inflamatórias, como o TGF- β . Polimorfismos gênicos de base única (SNP) presentes nos genes das citocinas podem influenciar na produção da respectiva citocina, entretanto poucos trabalhos têm avaliado sua associação com os aspectos clínico-laboratoriais da LV. Avaliar a associação do SNP TGFB1+29 com parâmetros clínicos e a gravidade da doença em pacientes com LV. Foram genotipados 28 pacientes com diagnóstico comprovado para LV, por quadro clínico-epidemiológico e/ou diagnóstico imunológico, considerados curados e acompanhados pós-tratamento. Os dados clínicos e laboratoriais empregados para as análises foram coletados por levantamento dos prontuários, no período de diagnóstico da doença de cada paciente. Para a avaliação da gravidade da LV foram utilizados três critérios: hepatomegalia, esplenomegalia e disfunção hepática (TGO > 100 U/l e/ou TGP > 100 U/l). Os pacientes foram classificados com LV grave na presença de pelo menos dois dos três critérios utilizados. A avaliação do SNP TGFB1+29 foi realizada através da técnica de discriminação alélica por PCR em tempo real. As análises foram realizadas pelo teste do χ^2 , considerando $p < 0,05$ como significativo. O projeto foi aprovado pelo CEP (CAAE:50411715.0.0000.5515). Não houve diferença entre os diferentes genótipos GG e AG/AA quando avaliados os sintomas de hepatomegalia ($p=0,9712$), perda ponderal ($p=0,3351$), esplenomegalia ($p=0,3351$), cefaleia ($p=0,7564$), febre ($p=0,4487$) e dor abdominal ($p=0,2310$). Verificamos que a maioria dos pacientes apresentavam um quadro grave ($n=21$), fato que não foi influenciado pelos diferentes genótipos do gene TGFB+29 ($p=0,6745$). O presente estudo não demonstrou associação do TGFB1 +29 com as manifestações clínicas e gravidade da LV. Órgão de fomento financiador da pesquisa: APEC Protocolo CAAE: 50411715.0.0000.5515