



Resumos da área de Análises Clínicas

CARACTERIZAÇÃO GENOTÍPICA DA GLUTATIONA S-TRANSFERASE E TNF- α ALFA EM PACIENTES COM LEISHMANIOSE CUTÂNEA POR <i>L. guyanensis</i> NO ESTADO DO AMAZONAS	1
R. O. ARAÚJO ¹ ; K. A. KERR ² ; R. RAMASAWMY ² ; A. C. S. CASTRO ¹ ; J. P. MOURA NETO ¹ .	1
DESENVOLVIMENTO CAPSULAR DE LEVEDURAS PATOGÊNICAS DO GÊNERO CRYPTOCOCCUS PÓS-INOCULAÇÃO EM MODELO INVERTEBRADO DE <i>Galleria mellonella</i>	2
NOGUCHI S. I. ¹ , AIDAR S. D. ² , CABRAL. F. L. K. A. ³	2
ESTUDO DA VARIABILIDADE GENÉTICA DO VÍRUS ZIKA APÓS ADAPTAÇÃO EM CULTURA DE CÉLULAS DE INVERTEBRADOS	3
DCGD DUARTE, VAN NASCIMENTO, VCS SOUZA, VGN NAVECA	3
PERFIL LEUCOCITÁRIO DE INDIVÍDUOS ATENDIDOS NO HOSPITAL UNIVERSITÁRIO DA UNIVERSIDADE FEDERAL DO AMAZONAS	4
E. S. SILVA ¹ , T. C. LIMA ² , R. H. SANCHES ² , R. Q. MATOS ² , N. H. MALLMANN ² , R. R. SILVA ² , Z. F. PEREIRA ² , M. M. M. MATOS ²	4
INVESTIGAÇÃO DA MICROBIOTA ANEMÓFILA COM POTENCIAL PATOGÊNICO EM AMBIENTES CRÍTICOS DE UM HOSPITAL UNIVERSITÁRIO	5
H. G. MARTINS ¹ ; R. M. C. SANTOS ² ; M. Z. M. FROTA ¹ ; L. M. SILVA ¹ ; M. H. G. RODRIGUES ¹	5
DETECÇÃO EM MEIO SÓLIDO DE L-ASPARAGINASE EXTRACELULAR PRODUZIDA POR FUNGOS DO BIOMA AMAZÔNICO	6
L. L. Moreira; T. A. Silva; M. F. S. Teixeira	6
ISOLADOS FUNGICOS DA REGIÃO AMAZÔNICA POTENCIAIS PRODUTORES DA ENZIMA L-ASPARAGINASE	7
C. S. MORAIS ¹ ; I.F. SOUZA ² ; P. P. RIBAS ²	7
CARACTERIZAÇÃO DAS ANEMIAS EM INDIVÍDUOS ATENDIDOS NO HOSPITAL UNIVERSITÁRIO DA UNIVERSIDADE FEDERAL DO AMAZONAS	8
E. S. SILVA ¹ , T. C. LIMA ² , R. H. SANCHES ² , R. Q. MATOS ² , N. H. MALLMANN ² , R. R. SILVA ² , Z. F. PEREIRA ² , M. M. M. MATOS ²	8
CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR E CLÍNICA DE PACIENTES COM TELANGIECTASIA HEMORRÁGICA HEREDITÁRIA	9
A. S. JAMEL ^{1,2} , G. G. Y. HAYAKAWA ³ , E. V. PAULA ^{3,4} , J. P. MOURA NETO ^{1,2}	9
FREQUÊNCIA DOS POLIMORFISMOS NA G6PD EM DOADORES DE SANGUE DA FUNDAÇÃO HOSPITALAR DE HEMATOLOGIA E HEMOTERAPIA DO AMAZONAS	10
N. S. FERREIRA ^{1,2} , F. C. ANSELMO ^{1,2} , J. P. MOURA NETO ^{1,2}	10
TALASSEMIA ALFA – DELEÇÕES ^{3.7 KB} E ^{4.2 KB} NA REGIÃO METROPOLITANA DE MANAUS – AMAZONAS	11



**Faculdade de Ciências Farmacêuticas
XIV Semana Acadêmica de Farmácia da UFAM
II Congresso de Ciências Farmacêuticas do Amazonas**



*Ciências da Saúde
Análises clínicas*

F. C. ANSELMO^{1,2}, N. S. FERREIRA^{1,2}, J. P. MOURA NETO^{1,2}..... 11



CARACTERIZAÇÃO GENOTÍPICA DA GLUTATIONA S-TRANSFERASE E TNF- α ALFA EM PACIENTES COM LEISHMANIOSE CUTÂNEA POR *L. guyanensis* NO ESTADO DO AMAZONAS

R. O. ARAÚJO¹; K. A. KERR²; R. RAMASAWMY²; A. C. S. CASTRO¹; J. P. MOURA NETO¹

¹Faculdade de Ciências Farmacêuticas - Universidade Federal do Amazonas, ²Fundação de Medicina Tropical Doutor Heitor Vieira Dourado

Introdução: A Leishmaniose é uma doença tropical infecto-parasitária negligenciada mundialmente. As Glutatonas S-transferases (GSTs) são uma superfamília de enzimas que atuam na detoxificação de compostos eletrofílicos, a fim de que sejam eliminados. O TNF é uma citocina pró-inflamatória do sistema imune inato, que desempenha papel importante na defesa do hospedeiro frente à infecção por *Leishmania* spp. **Objetivos:** Determinar a frequência dos genótipos da GSTM1, GSTT1 e do TNF- α (rs1800629) em pacientes com Leishmaniose Cutânea por *Leishmania guyanensis*, no estado do Amazonas. **Metodologia:** Tratou-se de um estudo caso-controle, cuja população foi de residentes em regiões consideradas endêmicas, próximas ao município de Manaus. O DNA foi obtido pelo kit GFXTM (Amersham Pharmacia Biotech-CA). Os genótipos foram determinados pela PCR-multiplex (GSTs) e PCR-RFLP (rs1800669). Os níveis de TNF- α foram dosados com o kit Bio-PlexPro (Luminex®). A análise estatística foi feita com o software Graph Pad Prism 5.0, pelo teste χ^2 junto com o Odds Ratio (95% de IC) e pelo teste One Way Anova ($p < 0,05$). **Resultados:** 390 amostras foram incluídas neste estudo, sendo 253 (64,9%) casos e 137 (35,1%) controles. A frequência do genótipo nulo da GST, no grupo caso, foi: 8,7% GSTT1, 22,5% GSTM1 e 2,4% GSTTM; enquanto nos controles foi: 16,6% GSTT1, 36,5% GSTM1, e 5,8% GSTMT. A frequência para o rs1800629 foi de 17,4% heterozigotos e 0,4 homozigotos nos casos e 14,9% e 2,6% nos controles, respectivamente, mas não foram estatisticamente diferentes. Os níveis de TNF- α foram mais elevados nos casos ($35,6 \pm 14,62$) do que nos controles ($21,47 \pm 12,89$) ($p < 0,001$). **Conclusão:** Indivíduos com GST nulo possuem perfil protetor frente à infecção por leishmanias e a deleção dupla dos genótipos GSTM1/GSTT1 e isolada da GSTT1 ocasionaram elevação significativa dos níveis de TNF- α . Além disso, este foi o primeiro estudo correlacionando os polimorfismos da GST (GSTM1 e GSTT1) com TNF- α em Leishmaniose.

Palavras-chave: Leishmania; GSTM1; GSTT1; Inflamação; Polimorfismo.



DESENVOLVIMENTO CAPSULAR DE LEVEDURAS PATOGÊNICAS DO GÊNERO *CRYPTOCOCCUS* PÓS-INOCULAÇÃO EM MODELO INVERTEBRADO DE *Galleria mellonella*

NOGUCHI S. I.¹, AIDAR S. D.², CABRAL. F. L. K. A.³

¹Faculdade de Ciências Farmacêuticas – FCF/UFAM. ²Laboratório de abelhas – UFAM.

³Faculdade de Ciências Farmacêuticas – FCF/UFAM. bellenoguchi@gmail.com,
davisaidaidar@gmail.com, cabral.ak@gmail.com.

Introdução: A levedura patogênica do gênero *Cryptococcus* é responsável por causar a Criptococose, doença sistêmica que acomete pessoas imunocomprometidas e imunocompetentes. Dentre as espécies principais estão, *C. neoformans* e *C. gattii*. Esta levedura possui vários fatores de virulência, dentre eles está a cápsula polissacarídica. Um modelo in vivo que tem sido empregado em estudos de patogênese e virulência de fungos e bactérias são as larvas de *Galleria mellonella*, que possui sistema imune inato e humoral.

Objetivos: Avaliar o desenvolvimento capsular dos isolados na cultura e nas larvas e construir o gráfico de sobrevivência média das larvas inoculadas com os isolados.

Metodologia: Para inoculação nas larvas, foi preparada uma suspensão de células fúngicas em água destilada estéril e foram inoculados na última pró-perna esquerda da larva com uma seringa de insulina. Após injeção, as larvas foram incubadas em placa de Petri sob monitoramento diário por 10 dias. As larvas mortas foram trituradas e homogeneizadas, individualmente, em 1mL de água destilada estéril, e foram coradas com tinta nanquim e observado no microscópio. O tamanho capsular foi medido através do programa ImageJ e comparados aos tamanhos de cápsulas na cultura. **Resultados:** Houve aumento no tamanho capsular de todos os isolados, clínicos e ambientais, quando comparadas ao tamanho capsular na cultura. De 160 larvas inoculadas houve 91 (56,8%) mortes. Os resultados apontaram para uma maior virulência dos isolados clínicos, com sobrevida mediana menor que os ambientais. No total, 62 de 80 larvas inoculadas foram mortas por isolados clínicos e 29 de 80 larvas infectadas por ambientais, mostrando que os isolados clínicos foram capazes de matar uma maior quantidade de larvas. **Conclusão:** O desenvolvimento capsular demonstrou resultado significativo, onde passou a ter proporções maiores nas larvas que na cultura. Os testes nas larvas mostraram-se eficazes para pesquisa deste trabalho dentre vários outros.

Palavras-chave: *Cryptococcus* spp, Criptococose, Cápsula polissacarídica



ESTUDO DA VARIABILIDADE GENÉTICA DO VÍRUS ZIKA APÓS ADAPTAÇÃO EM CULTURA DE CÉLULAS DE INVERTEBRADOS

DCGD DUARTE, VAN NASCIMENTO, VCS SOUZA, VGN NAVECA

Instituto Leônidas e Maria Deone, Fiocruz Amazônia, camiladebora780@gmail.com

Introdução: O vírus Zika (ZIKV) é um arbovírus da família *Flaviviridae* gênero *Flavivirus* com genoma composto por uma fita única de RNA de polaridade positiva. Assim como os demais vírus RNA, exibe variações em suas sequências, o que ocorre devido à falta de correção da polimerase viral e a alta taxa de replicação viral. Considerando que a replicação dos vírus de genoma RNA é propensa a erros, e que existem subpopulações virais que podem emergir e ser responsáveis por novos surtos ou gerar falhas em testes diagnósticos, verificamos a necessidade de estudos que contribuam com conhecimentos sobre a variabilidade genética do ZIKV. **Objetivo:** avaliar a variabilidade genética do ZIKV após o processo de adaptação em cultura de células de invertebrados. **Metodologia:** Uma amostra positiva para ZIKV foi previamente isolada em células Aag-2 (*Aedes aegypti*) em seguida utilizada para processo de adaptação em cultura de células. Foram realizadas 30 passagens seriadas do ZIKV nesta linhagem de células, em replicatas. A cada 5 passagens do vírus em cultura de células, foi realizado RT-qPCR para confirmação das infecções e o sequenciamento para verificar o surgimento de variantes. **Resultados:** Foram observadas seis mutações, sendo elas na região codificante para PrM, NS2A, NS4A e NS5. Na posição 650 do genoma, na região que codifica para PrM houve uma mudança de nucleotídeo de G para R, na posição 4200, codificante para NS2A houve uma mudança de nucleotídeo de Y - T, na posição 6801 o aminoácido T foi substituído por um W, e na posição 7884, 8467, 9966 o aminoácido Y, T, C foram substituídos respectivamente por C, Y, Y. **Conclusão:** essas mutações indicaram presença de populações mistas nos resíduos de aminoácidos, sugerindo que serão necessárias mais passagens seriadas para verificar se as mutações observadas permanecerão ou se irão selecionar para populações específicas.

Palavras-chave: arbovírus, evolução, genômica

Financiamento: FAPEAM, CNPq



PERFIL LEUCOCITÁRIO DE INDIVÍDUOS ATENDIDOS NO HOSPITAL UNIVERSITÁRIO DA UNIVERSIDADE FEDERAL DO AMAZONAS

E. S. SILVA¹, T. C. LIMA², R. H. SANCHES², R. Q. MATOS², N. H. MALLMANN², R.
R. SILVA², Z. F. PEREIRA², M. M. M. MATOS²

¹Faculdade de Ciências Farmacêuticas, Universidade Federal do Amazonas

²Hospital Universitário Getúlio Vargas, ellen.pharmacist@gmail.com

Introdução: O hemograma auxilia a identificar diversas doenças que podem comprometer a saúde do indivíduo, podendo interferir na sua qualidade de vida. A leucocitose é um achado laboratorial comum no hemograma, que se caracteriza pelo aumento dos leucócitos totais no sangue e, geralmente, estão associadas com processos inflamatórios e infecciosos, sendo as neutrofilias e linfocitoses as alterações leucocitárias mais referidas. **Objetivo:** Caracterizar as alterações numérica dos leucócitos, bem como a linhagem predominante encontradas no leucograma dos indivíduos atendidos no Hospital Universitário Getúlio Vargas/ UFAM. **Metodologia:** Trata-se de um estudo transversal descritivo em 176 indivíduos, atendidos no Laboratório de Análises Clínicas do Hospital Universitário Getúlio Vargas, da cidade de Manaus-AM, de livre demanda, no período de outubro a dezembro de 2018. Este estudo é um subprojeto vinculado a um projeto maior de análise hematológica aprovado pelo CEP-UFAM sob nº 96525418.0.0000.5020. **Resultados:** Utilizou-se os valores absolutos para avaliar as alterações numéricas dos leucócitos, sendo que dezenove participantes apresentaram alteração no número total de leucócitos, representando uma prevalência de 11%. Desses, 16 (84%) tinham leucocitose e 3(16%) leucopenia. Dos casos de leucocitoses observados, 5(31%) não apresentaram nenhuma alteração na linhagem leucocitária e 11(69%) apresentaram alterações em uma ou mais linhagem leucocitária, sendo a basofilia a alteração mais prevalente. Dos casos de leucopenia, todos tiveram alterações nas linhagens dos neutrófilos e linfócitos. **Conclusão:** Ainda que seja raro encontrar casos de basofilia na população, nesta pesquisa, essa alteração foi comum, podendo ser relacionada a causas variadas e/ou doenças alérgicas. Apesar do número crescente de estudos relacionados ao perfil hematológico, a produção do conhecimento na população do Amazonas ainda é escassa, sugerindo que novos estudos sejam realizados.

Palavras-chave: leucocitose, hemograma, análises clínicas.

Financiamento: FAPEAM/Paic



INVESTIGAÇÃO DA MICROBIOTA ANEMÓFILA COM POTENCIAL PATOGENICO EM AMBIENTES CRÍTICOS DE UM HOSPITAL UNIVERSITÁRIO

H. G. MARTINS¹; R. M. C. SANTOS²; M. Z. M. FROTA¹; L. M. SILVA¹; M. H. G. RODRIGUES¹

¹Faculdade de Ciências Farmacêuticas - Universidade Federal do Amazonas

²Hospital Universitário Getúlio Vargas, martins_henrique@outlook.com

Introdução: Os bioaerossóis, que nada mais são que propágulos de microrganismos presentes no ar, em especial fungos e bactérias, têm despertado grande interesse nos últimos tempos, em virtude das possíveis implicações em saúde pública. Estão envolvidos diretamente com o aparecimento de patologias que vão desde alergias simples, irritações de pele, trato respiratório, rinites, conjuntivites, asma, além de tosse, dores de cabeça, tonteira e mal-estar geral até infecções disseminadas em pacientes imunossuprimidos, especialmente sob regime de internação hospitalar. **Objetivos:** analisar a qualidade microbiológica do ar de ambientes críticos do Hospital Universitário Getúlio Vargas – HUGV/EBSERH, identificar taxonomicamente os isolados por meio de técnicas convencionais de fenotipagem e relacionar as cepas de reconhecido potencial patogênico. **Metodologia:** trata-se de um estudo descritivo longitudinal, no decorrer de 2017 e 2018, da qualidade microbiológica do ar, onde foi utilizado o amostrador de ar por impactação para coleta de 1m³ de ar em meio de cultivo sólido para fungos e bactérias em ambientes críticos e não-críticos do hospital. Com o isolamento dessas colônias, foram feitas análises macro e micro morfológicas, sendo ainda identificadas através de provas bioquímicas. Além disso, nos mesmos ambientes, foram feitas análises de temperatura e umidade com auxílio de um termohigrômetro. **Resultados:** evidência da presença de microrganismos anemófilos (dispersos no ar) com potencial patogênico no hospital. Observou-se ainda elevada temperatura e umidade nos ambientes analisados. **Conclusão:** a umidade e temperatura estavam acima do ideal, o que favorece o crescimento de microrganismos. Em todos os ambientes foram encontrados esses microrganismos, porém, a quantidade de Unidades Formadoras de Colônia – UFC/m³ de ar, estava dentro dos parâmetros estabelecidos pela atual resolução vigente no Brasil, Resolução N° 09 de 16/01/2003 – ANVISA.

Palavras-chave: Infecções, microbiota anemófila, potencial patogênico.



DETECÇÃO EM MEIO SÓLIDO DE L-ASPARAGINASE EXTRACELULAR PRODUZIDA POR FUNGOS DO BIOMA AMAZÔNICO

L. L. Moreira; T. A. Silva; M. F. S. Teixeira

Universidade Federal do Amazonas, llmoreira07@gmail.com

Introdução: A L-asparaginase é uma enzima utilizada no tratamento padrão de leucemia linfoblástica aguda. Devido a problemas de abastecimento no Brasil e a incidências de efeito tóxicos, a busca de novas fontes dessa enzima tem sido estimulada. **Objetivo:** Avaliar metodologia de detecção em meio sólido de L-Asparaginase extracelular em *Aspergillus* spp. do Bioma Amazônico. **Metodologia:** O experimento, conduzido na Coleção de Culturas DPUA no Instituto de Ciências Biológicas da UFAM, foi realizado com 20 linhagens de *Aspergillus* spp. reativadas em Caldo Glicosado por 15 dias a 25 °C. As características macro e micro morfológicas das linhagens, crescidas em meio CYA [ágar CzapeckDox e extrato de levedura 0,5% (p/v)] a 28°C por 7 dias, foram analisadas para autenticação das espécies. Para triagem dos produtores de L-asparaginase discos de 8 mm das culturas foram inoculados em dois meios Czapeck Dox Modificado contendo L-asparagina 1,0% (p/v), azul de bromotimol 0,0009% ou vermelho de fenol 0,0007%, os cultivos foram incubados por 9 dias com observação a cada 48h. Como controle negativo foi realizado inóculo no mesmo meio sem a L-asparagina. **Resultados:** Das 20 linhagens 75% tiveram resultado positivo para produção de L-asparaginase em ambos os meios testados. Formou-se halo rosa (meio com vermelho de fenol) ou azul (meio com azul de bromotimol) ao redor da colônia confirmando a alcalinização do pH. A mudança de cor ocorre devido a liberação de amônia resultante da quebra do substrato L-asparagina. Os cultivos realizados no meio sem asparagina (controle) não alteraram visivelmente o pH confirmando que a mudança de cor foi proporcionada pela quebra do substrato. **Conclusão:** Os dois métodos de detecção de L-asparaginase apresentaram resultados similares, são, portanto, viáveis para triagem de *Aspergillus* produtores da enzima. A maioria das linhagens do gênero foram positivas para síntese de L-asparaginase em meio sólido apresentando potencial para produção da enzima.

Palavras-chave: Leucemia; enzima; *Aspergillus* spp.

Financiamento: CNPq



ISOLADOS FUNGICOS DA REGIÃO AMAZÔNICA POTENCIAIS PRODUTORES DA ENZIMA L-ASPARAGINASE

C. S. MORAIS¹; I.F. SOUZA²; P. P. RIBAS²

¹Faculdade FUCAPI, ²Centro de Biotecnologia da Amazônia, priscila.pauly@gmail.com

Introdução: A L-asparaginase é a enzima responsável pela conversão do aminoácido L-asparagina em ácido aspártico e amônia, esta tem a capacidade de destruir células neoplásicas dependentes do aminoácido L-asparagina extracelular para sua sobrevivência. O Brasil passou a importar o fármaco que contém L-asparaginase para o tratamento da Leucemia Linfóide Aguda (LLA) da empresa chinesa Xantley, porém muitos especialistas em saúde têm contestado a eficácia e segurança deste fármaco. **Objetivo:** Tendo em vista este cenário, o objetivo dessa pesquisa foi identificar isolados fungicos da região amazônica com potencial para produção de L-asparaginase. **Metodologia:** Para isso, foram testados 33 isolados pertencentes à Coleção de Cultura do Centro de Biotecnologia da Amazônia (CBA) isolados a partir de diferentes substratos da região Amazônica. Os isolados foram previamente inoculados em meio BDA e mantidos em estufa BOD durante 7 dias em uma temperatura de 28 ± 2 °C. Discos de 5mm foram retirados das bordas dessas colônias e inoculados no centro das placas de Petri contendo meio CDM modificado, suplementado com vermelho de fenol. As placas foram incubadas em estufa BOD a 30 ± 2 °C durante 5 dias. Após esse período as placas foram avaliadas quanto à alteração na coloração do meio. A formação de uma zona avermelhada em torno da colônia indica a produção de L-asparaginase pelo fungo. **Resultados:** Dos 33 isolados testados, 15 apresentaram alteração na coloração do meio de cultura indicando produção da enzima. Os isolados serão testados quantitativamente para determinar a atividade enzimática e identificados quanto ao gênero e espécie pertencentes. **Conclusão:** Os resultados permitirão que as pesquisas voltadas para o desenvolvimento de um fármaco produzido no Brasil se utilizem destes isolados em testes posteriores.

Palavras-chave: biotecnologia, seleção, enzimas extracelulares, células cancerígenas



CARACTERIZAÇÃO DAS ANEMIAS EM INDIVÍDUOS ATENDIDOS NO HOSPITAL UNIVERSITÁRIO DA UNIVERSIDADE FEDERAL DO AMAZONAS

E. S. SILVA¹, T. C. LIMA², R. H. SANCHES², R. Q. MATOS², N. H.
MALLMANN², R. R. SILVA², Z. F. PEREIRA², M. M. M. MATOS²

¹Faculdade de Ciências Farmacêuticas - Universidade Federal do Amazonas

²Hospital Universitário Getúlio Vargas, ellen.pharmacist@gmail.com

Introdução: O hemograma auxilia a identificar diversas doenças que podem comprometer a saúde do indivíduo, podendo interferir na sua qualidade de vida. A anemia é o distúrbio hematológico de maior prevalência, que causa efeito negativo às funções cognitivas e psicomotoras das pessoas acometidas, sendo um sério problema de saúde pública. **Objetivos:** Esta pesquisa tem como objetivo caracterizar as anemias nos indivíduos atendidos no Hospital Universitário Getúlio Vargas da Universidade Federal do Amazonas/EBSERH. **Metodologia:** Trata-se de um estudo transversal descritivo em 176 indivíduos, atendidos no Laboratório de Análises Clínicas do Hospital Universitário Getúlio Vargas, da cidade de Manaus-AM, de livre demanda, no período de outubro a dezembro de 2018, com análise das seguintes variáveis: sexo, idade, frequência e tipo morfológico das anemias. Neste estudo, a anemia foi evidenciada em 14 indivíduos, caracterizando uma frequência de 8%. A maioria dos indivíduos anêmicos eram do sexo feminino e a faixa etária predominante foi dos 30 a 49 anos. **Resultados:** Concernente ao tipo morfológico das anemias, metade dos participantes anêmicos apresentaram anemia do tipo normocítica e normocrômica e a outra microcítica e hipocrômica. Das anemias microcíticas e hipocrômicas, a maioria apresentou quadro de anemia ferropriva segundo estudo do ferro. Os casos de anemias normocítica e normocrômica apresentaram valores de reticulócitos normais, podendo estar relacionadas com diminuição da sobrevivência das hemácias e/ou resposta medular inadequada. **Conclusão:** Conclui-se que embora a anemia tenha alta prevalência na população, no presente estudo não foi encontrado um alto índice de anemia, conforme expectativa do cenário nacional. Apesar do número crescente de estudos relacionados a essa alteração, a produção do conhecimento na população do Amazonas ainda é escassa, sugerindo que novos estudos sejam realizados.

Palavras-chave: anemia, hemograma, análises clínicas

Financiamento: FAPEAM/PAIC



CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR E CLÍNICA DE PACIENTES COM TELANGIECTASIA HEMORRÁGICA HEREDITÁRIA

A. S. JAMEL^{1,2}, G. G. Y. HAYAKAWA³, E. V. PAULA^{3,4}, J. P. MOURA NETO^{1,2}

¹Faculdade de Ciências Farmacêuticas - Universidade Federal do Amazonas, ²Fundação Hospitalar de Hematologia e Hemoterapia do Amazonas, ³Centro de Hematologia e Hemoterapia da Unicamp, SP, Brasil, ⁴Universidade Estadual de Campinas, Campinas, SP, Brasil

Introdução: A Telangiectasia Hemorrágica Hereditária (THH) é uma doença autossômica dominante que se caracteriza pela presença de malformações vasculares difusas, acometendo a derme, mucosas e órgãos sólidos. **Objetivo:** Caracterizar clinicamente e molecularmente os genes ENG e ACVRL1 de indivíduos portadores de THH de duas regiões brasileiras distintas - Campinas e Manaus. **Metodologia:** Os dados demográficos, clínicos e laboratoriais foram coletados por meio de prontuário médico e entrevista ao paciente. A caracterização molecular foi realizada no sequenciador automático Applied Biosystems™ 3500 com DNA extraído de leucócitos pela Mini Kit (Qiagen). Um total de 40 pacientes foi incluído no estudo, sendo 07 de Manaus e 33 de Campinas. **Resultados:** Respectivamente, epistaxe e telangiectasia mucosa foram às clínicas mais frequentes, ocorrendo 85,7% / 57,1% nos pacientes de Manaus e 75,7% / 87,8% de Campinas. Comorbidades como Diabetes, Hipertensão e doença cardíaca foram mais frequentes em Campinas (45,4%) do que Manaus (28,5%). Diversas novas mutações e outras já descritas foram encontradas no nosso estudo. Para ENG identificamos 07 em exons (3 não publicados) e 13 em introns (13 não publicados). Já ACVRL-1 identificamos 16 em exons (6 não publicados) e 10 em introns (9 não publicados). A razão de mutações encontradas foi de 93,75% (15/16). Um maior número de mutações intrônicas e três grandes deleções nas regiões foram mais prevalentes para ACVRL1 do que ENG, sendo mais frequentes nos exons 7 e 8. **Conclusão:** Em nosso estudo, descobrimos que os genes ENG e ACVRL-1 apresentaram mutações associadas a um fenótipo mais grave, incluindo início precoce de epistaxe e aumento da ocorrência de malformações arteriovenosas pulmonares. Nossos resultados podem abrir caminhos para serem estudados ou podem indicar limitações na assistência a esses pacientes, os quais precisam de uma atenção multidisciplinar para prevenir e tratar complicações desta condição.

Palavras-chave: Epistaxe, malformação vascular autossômica, Endogлина, ACVRL1 e TGFβ.



FREQUÊNCIA DOS POLIMORFISMOS NA G6PD EM DOADORES DE SANGUE DA FUNDAÇÃO HOSPITALAR DE HEMATOLOGIA E HEMOTERAPIA DO AMAZONAS

N. S. FERREIRA^{1,2}, F. C. ANSELMO^{1,2}, J. P. MOURA NETO^{1,2}

¹Faculdade de Ciências Farmacêuticas - Universidade Federal do Amazonas, ²Fundação Hospitalar de Hematologia e Hemoterapia do Amazonas, ferreira.s.natalia@gmail.com

Introdução: Existe uma grande heterogeneidade na frequência dos polimorfismos da G6PD na população brasileira e os portadores possuem quadro clínico geralmente assintomático. Estes são frequentemente doadores de sangue sem estarem cientes disso. **Objetivo:** Caracterização molecular em doadores de sangue da HEMOAM-AM caracterizando os polimorfismos da G6PD; c.202 G>A - c.376 A>G) - c.968 T>C) - c.563 C>T) - c.542 A>T - c.1339 G>A) e c.1003 G>A), sendo a escolha destes por terem sido já demonstrados na população brasileira. **Metodologia:** Baseamos num modelo transversal, coletamos 1200 doadores de sangue. Para extração do DNA, foi utilizada extração manual com BRAZOL com 200µL de sangue total. **Resultados:** Encontramos uma frequência total de 7,83% (94 doadores) distribuídos em 88 doadores (7,33%) para A- 202/376 - 03 (0,25%) para Mediterranean 563 - 02 (0,17%) para o A- 968 e 1 (0,08%) para Chatham 1003. Os polimorfismos 202 e 376 foram os mais prevalentes, estando de acordo com outros estudos na população brasileira. Já os polimorfismos mediterranean, A-968 e Chatham 1003 já tinham sido previamente descritos na população do Amazonas. **Conclusão:** Em diferentes regiões do Brasil a prevalência varia entre 3 e 9%. Devido a importância da G6PD para a sobrevivência dos eritrócitos, ressaltamos a importância deste estudo na população do Amazonas, não somente para conhecimento de sua prevalência, mas devido nosso estudo demonstrar que a prevalência de doadores de sangue com deficiência de G6PD não é rara. Desta forma, acreditamos considerar a realização da pesquisa rotineira da atividade de G6PD em doadores de sangue, pois além da identificação dos indivíduos deficientes, também podemos tentar evitar a transfusão de hemácias com enzimopatia, uma vez que os receptores destas bolsas estarão expostos ao risco de uma crise hemolítica e gravidade de sua possível comorbidade que levou a receber transfusão sanguínea.

Palavras-chave: Transfusão, Hemólise, Concentrado de Hemácias

CAAE: 0004.0.112.000-11



TALASSEMIA ALFA – DELEÇÕES ^{3.7 KB} E ^{4.2 KB} NA REGIÃO METROPOLITANA DE MANAUS – AMAZONAS

F. C. ANSELMO^{1,2}, N. S. FERREIRA^{1,2}, J. P. MOURA NETO^{1,2}

¹Faculdade de Ciências Farmacêuticas - Universidade Federal do Amazonas, ²Fundação Hospitalar de Hematologia e Hemoterapia do Amazonas, fernandacozendey@live.com

Introdução: A Talassemia Alfa (TA) constitui um grupo heterogêneo de alterações hereditárias causadas por deleções nos genes reguladores alfa (α) e promovem o desequilíbrio no conteúdo quantitativo de globinas, culminando na diminuição de componentes normais dos níveis de hemoglobina devido à perda de um ou mais genes α . **Objetivo:** Determinar a prevalência da TA, compreendendo as deleções $-\alpha 3.7$ e $-\alpha 4.2$, na Região Metropolitana de Manaus-Amazonas. **Metodologia:** A deleção foi investigada por GAP-PCR para $-\alpha 3.7$ e Multiplex-PCR para $-\alpha 4.2$. O tamanho amostral incluiu 2798 indivíduos de seis municípios da região, compreendendo as cidades de Iranduba (N = 232), Itacoatiara (N = 301), Manacapuru (N = 287), Presidente Figueiredo (N = 370), Coari (N = 263) e a capital, Manaus (N = 1345) e um grupo específico de doadores de sangue atendidos no HEMOAM (N = 989). **Resultados:** A TA^{-3.7 Kb} foi encontrada em 7,9% da população geral (6% heterozigotos e 1,9% homozigotos), com associações entre os portadores estatisticamente significantes para os parâmetros hematológicos ($p < 0,001$), exceto entre as dosagens de Ferro Sérico e Ferritina. No grupo de indivíduos microcíticos e hipocrômicos, a frequência da deleção alcançou 40,68%, enquanto a prevalência nos doadores de sangue foi de 5,35%. **Conclusão:** Os dados obtidos neste trabalho corroboram com estudos prévios, ressaltando o predomínio na redução dos valores de MCV e MCH, especialmente quando associados à presença da TA. A prevalência de 7,9% de portadores da talassemia alfa consolida a frequência demonstrada em outros estudos brasileiros e demonstra a importância e relevância do diagnóstico de anemia genética também na região Amazônica. Ressalta-se a importância do teste para diagnóstico diferencial, especialmente entre anemia ferropriva, caracterizando corretamente os indivíduos microcíticos. É válido destacar que este é o primeiro estudo a demonstrar a frequência da TA na Região Metropolitana de Manaus.

Palavras-chave: Anemia Hipocrômica, Anemia ferropriva.

CAEE: 19215713.6.0000.5020