



**AVALIAÇÃO DO POLIMORFISMO GENÉTICO rs2069762 DA
REGIÃO PROMOTORA DO GENE *IL-2* EM INDIVÍDUOS
SINTOMÁTICOS INFECTADOS POR SARS-COV-2 DA REGIÃO
METROPOLITANA DE BELÉM**

Pereira, T. F.; Martins, C. H. C.; Oliveira, E. V. G.; Costa, I. B.; Freitas, F. B.; Siqueira, J.
A. M.; Farias, L. S. S.; Silva, L. D.; Monteiro, T. A. F.; Brasil-Costa, I.

¹ Discente de Biomedicina, Universidade da Amazônia (UNAMA).
thayarafrancap@gmail.com.² Discente de Biomedicina, Universidade Federal do Pará
(UFPA). ³ Discente de Biomedicina, Universidade da Amazônia (UNAMA).⁴ Doutor em
Virologia, Instituto Evandro Chagas (IEC). ⁵ Doutor em Biologia de Agentes Infecciosos e
Parasitários, Instituto Evandro Chagas (IEC). ⁶ Doutor em Virologia, Instituto Evandro
Chagas (IEC). ⁷ Doutora em Doenças Tropicais, Instituto Evandro Chagas (IEC). ⁸ Doutora
em Biologia de Agentes Infecciosos e Parasitários, Instituto Evandro Chagas (IEC).
⁹ Doutora em Virologia, Instituto Evandro Chagas (IEC). ¹⁰ Doutor em Genética e Biologia
Molecular, Instituto Evandro Chagas (IEC).

Linha de pesquisa: Genética do Hospedeiro Humano



RESUMO

A pandemia de COVID-19, causada pelo SARS-CoV-2, configurou-se como um dos maiores desafios de saúde pública devido ao seu grande impacto clínico e socioeconômico. A doença apresenta manifestações clínicas variadas, desde infecções assintomáticas até casos graves e óbitos. Uma vez infectado, a variabilidade da resposta imunológica apresentada por cada indivíduo é um dos principais fatores responsáveis pela diferenciação nos sintomas. As citocinas pró-inflamatórias e anti-inflamatórias atuam como reguladoras desse processo, mas a produção excessiva pode se tornar prejudicial ao organismo do hospedeiro. A tempestade de citocinas ocorre por meio da desregulação da resposta imune contribuindo para a gravidade da COVID-19, causando danos teciduais e inflamação sistêmica. A interleucina 2 (IL-2) é uma citocina pró-inflamatória que desempenha papel fundamental na regulação dos linfócitos. Polimorfismos na sua região promotora podem influenciar na resposta imunológica contra infecções virais, por meio das interações entre os fatores genéticos e a gravidade da doença. Sendo assim, este estudo visa determinar os genótipos do SNP rs2069762 (-330 T/G) na região promotora do gene *IL-2* em indivíduos sintomáticos diagnosticados com SARS-CoV-2 na região metropolitana de Belém e associar ao quadro clínico. Foram incluídas 94 amostras de sangue total de indivíduos sintomáticos diagnosticados com SARS-CoV-2 por RT-qPCR, atendidos em dois postos de assistência médica na região metropolitana de Belém, entre maio de 2021 e setembro de 2022. Dados clínicos e sociodemográficos foram obtidos por fichas de preenchimento, e a caracterização genotípica do SNP foi conduzida por qPCR. As análises estatísticas foram realizadas no *software* BioEstat 5.3, com avaliação das frequências alélicas, genotípicas e do equilíbrio de *Hardy-Weinberg*, além da aplicação do teste do Qui-quadrado para comparação entre genótipos, manifestações clínicas e comorbidades. A população estudada apresentou média de idade de 42,31 anos, com maior prevalência do sexo feminino. A escolaridade predominante foi ensino médio e superior completos. A maioria estava vacinada com pelo menos duas doses contra COVID-19 (61,7%). Das 94 amostras analisadas, seis não apresentaram amplificação durante a qPCR, reduzindo o total de resultados válidos para 88. O genótipo *TT* foi o mais frequente (51,1%), seguido por *TG* (38,6%) e *GG* (10,2%). As frequências alélicas foram 70,4% para *T* e 29,5% para *G*, ($p=0,499$). A avaliação clínica mostrou predomínio de sintomas leves a moderados, sendo a tosse, dor de garganta e dor de cabeça as mais frequentes entre as 16 manifestações clínicas incluídas nesta pesquisa. Quanto às comorbidades, hipertensão, diabetes e doença pulmonar crônica foram as mais frequentes entre as cinco principais relatadas pelos participantes. Não foram observadas diferenças estatísticas significativas das principais sintomatologias e das comorbidades entre genótipos. Os resultados do polimorfismo rs2069762 no gene *IL-2* mostraram distribuição da população em equilíbrio de *Hardy-Weinberg*, sem associação significativa entre genótipos com os



sintomas da COVID-19 e comorbidades na população estudada. A complexidade da resposta imunológica à COVID-19 sugere que múltiplos fatores genéticos e ambientais devem ser considerados, para que investigações adicionais sejam realizadas para esclarecer o papel desse e de outros polimorfismos no gene *IL-2* na influência da manifestação clínica da doença.

Palavras-chave: SNP; IL-2; COVID-19.

Instituição financiadora: Este estudo foi realizado com o apoio do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) por meio do Programa Institucional de Bolsas de Iniciação Científica (PIBIC) do Instituto Evandro Chagas (IEC) na seção de Virologia (SEVIR).