sociodemográficas: sexo, idade, raça/cor e distribuição por UF; fatores de risco: diabetes, asma, doença cardiovascular, obesidade, pneumopatias, Síndrome de Down e imunodepressão; classificação final: COVID-19, Influenza, não especificado, outro agente ou outro vírus; e evolução: cura ou óbito. Realizou-se análises descritivas nas análises univariadas, teste qui-quadrado de Pearson para relacionar as faixas etárias com as demais variáveis nas análises bivariadas, e regressão logística nas análises multivariadas, cujo desfecho foi evolução, de modo que foram incluídas as variáveis com p-valor < 0,20 da análise bivariada. O nível de significância adotado foi de 5%.

Resultados: A população foi de 1.054.477 pacientes pediátricos hospitalizados com SRAG. Houve maiores chances de óbito nas raças indígena e preta em relação à branca; na faixa etária de 12 anos a menores de 18 anos em relação à faixa etária de menores de 6 meses; nas UF Espírito Santo e Rio de Janeiro em relação à São Paulo; e em todas as variáveis relacionadas a comorbidades, excetuando-se a asma, sendo o diabetes aquela com menor risco aumentado, mas considerada estatisticamente não significativa. Analogamente, encontrou-se como fator de proteção na faixa pediátrica para evolução para óbito os indivíduos asmáticos; nas faixas etárias de 6 meses a menores de 5 anos e de 5 anos a menores de 12 anos em relação aos menores de 6 meses; e na classificação final influenza, quando comparada à Covid-19.

Conclusão: A análise de evolução de casos para cura ou óbito por SRAG na população pediátrica mostrou que esse grupo de infecções se manifestou com particularidades nessa população, levando em conta os fatores de risco e proteção, quando comparadas com a população adulta, principalmente quando aprofunda-se os estudos por trás dos motivadores de cada fator de risco e de proteção.

Palavras-chave: SRAG Covid-19 Faixa pediátrica Evolução

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.102888

ANÁLISE RETROSPECTIVA DAS MUTAÇÕES NA ORF8 DO SARS-COV-2 NA REGIÃO CENTRAL DO RIO GRANDE DO SUL, BRASIL: IMPLICAÇÕES PARA O PROGNÓSTICO DA COVID-19

Luíza Funck Tessele*, Bruna Candia Piccoli, Thais Regina y castro, Bruna Campestrini Casarin, Andressa de Almeida Vieira, Vitor Telles dos Santos, Alexandre Vargas Schwarzbold, Priscila de Arruda Trindade

Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), Santa Maria, RS, Brasil

Introdução: Algumas proteínas do coronavírus desempenham um papel importante na modulação da imunidade inata do hospedeiro, mas poucos estudos foram conduzidos sobre SARS-CoV-2. Neste estudo, examinamos a proteína viral ORF8, que é capaz de mimetizar a IL-17A causando a tempestade de citocinas e, ainda, é potencial inibidora da via de sinalização do interferon tipo I (IFN-1), um componente chave para a resposta antiviral da imunidade inata do hospedeiro. A Orf8 é uma região genômica hipervariável e pouco conservada entre os coronavírus, os quais podem persistir sem uma Orf8 funcional. As mutações na Orf8 do SARS-CoV-2 podem ser preditoras do prognóstico da COVID-19. Assim, o paciente pode apresentar diferentes estágios clínicos da COVID-19.

Objetivos: Analisar retrospectivamente as mutações na Orf8 do SARS-CoV-2 circulante na região central do Rio Grande do Sul, Brasil.

Métodos: Foram sequenciadas 1449 amostras positivas para SARS-CoV-2 de laboratórios públicos e privados da 4ª Coordenadoria Regional de Saúde do estado do Rio Grande do Sul das semanas epidemiológicas 26/2021 a 17/2023. O sequenciamento foi realizado pela tecnologia MinION ou Illumina iSeq 100 no LABIOMIC. As sequências consenso foram montadas utilizando o protocolo de bioinformática ARTIC nCoV-2019 ou Dragen COVID. Os clados e linhagens foram determinados pelo Nextclade e Pangolim, respectivamente. As mutações na região da Orf8 foram analisadas na plataforma Nextclade.

Resultados: Das amostras sequenciadas, 75 foram classificadas como Gamma, 293 Delta, 982 Ômicron e 105 recombinantes, destas 67 eram XBB. A mutação E92K foi observada em 97% das sequências Gamma. Todas as Delta possuíam as deleções D119- e D120-. Na Ômicron, 7% das Orf8 possuíam alguma mutação. Foram encontradas as mutações P36L, V62L, E64D, L95F (Delta), V62L, A65S, S67F, F120V, I121L, I121F, T11I (Ômicron) e A65V (XBB). Na literatura, T11I está associada a maior severidade da doença. Já as demais, a uma atenuação dos sintomas da COVID-19. A mutação G8*, que interromperia o processo de transcrição gerando uma proteína truncada, foi observada em 85,6% das XBB. As mutações encontradas aqui, possivelmente abrandaram ou suprimiram os efeitos causados pela ORF8.

Conclusão: Foram encontradas mutações que, hipoteticamente, podem alterar o fenótipo viral e interferir na resposta do hospedeiro. Estudos posteriores são necessários para demonstrar correlação clínica das diferentes evoluções dos casos de covid-19 com essas mutações.

Palavras-chave: COVID-19 ORF8 Mutações

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.102889

AVALIAÇÃO DA CONCORDÂNCIA ENTRE RT-QPCR E SEQUENCIAMENTO DE GENOMA TOTAL NA IDENTIFICAÇÃO DE VARIANTES DO SARS-COV-2

Bruna Campestrini Casarin*, Viviane Drescher Somavilla, Thais Regins Y Castro, Andressa de Almeida Vieira, Luiza Funck Tessele, Alexandre Vargas Schwarzbold, Priscila de Arruda Trindade

Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), Santa Maria, RS, Brasil

Introdução: A identificação precisa e ágil das variantes circulantes do SARS-CoV-2 é fundamental para uma vigilância epidemiológica eficaz e para direcionar medidas de contenção da disseminação do vírus. Embora o Sequenciamento de Genoma Total (Whole Genome Sequencing - WGS) seja considerado o padrão ouro para a identificação de variantes,

apresenta alto custo, tempo de entrega dos resultados prolongado e necessidade de equipe especializada. Por outro lado, técnicas baseadas na amplificação de ácidos nucleicos, como a transcrição reversa seguida de reação de polimerase em cadeia (RT-qPCR), têm a capacidade de identificar variantes por meio de mutações específicas de maneira mais rápida e econômica.

Objetivo: Avaliar a concordância entre um kit comercial de genotipagem por RT-qPCR e o WGS na identificação de variantes do SARS-CoV-2.

Métodos: Foram selecionadas 349 amostras positivas para SARS-CoV-2 de laboratórios públicos e privados da 4ª Coordenadoria Regional de Saúde do estado do RS, coletadas nas semanas epidemiológicas 13 a 27 de 2022. Essas amostras foram submetidas a RT-qPCR utilizando o kit 4Plex para a detecção de variantes de preocupação desenvolvido pelo Biomanguinhos. Além disso, as amostras foram sequenciadas nas plataformas MinION MK1C ou Illumina iSeq100. As sequências consenso foram geradas utilizando os protocolos de bioinformática ARTIC nCoV-2019 (MinION) ou Dragen COVID (Illumina). Os clados e linhagens foram atribuídos utilizando as ferramentas Nextclade e Pangolin, respectivamente.

Resultados: No sequenciamento, 316 amostras foram classificadas como Ômicron, sendo a maioria pertencente à subvariante BA.2 (238 amostras). 33 amostras foram identificadas como variantes recombinantes, sendo a maioria da subvariante XAG (31 amostras). Na genotipagem por RT-qPCR, todas as variantes Ômicron foram identificadas corretamente, no entanto, não foi possível a identificação das variantes recombinantes. O Kappa de Cohen indicou 90,54% de concordância da RT-qPCR com o WGS. No entanto, não foi possível diferenciar as subvariantes utilizando a RT-qPCR.

Conclusão: O RT-qPCR é uma metodologia rápida e econômica. No entanto, possui baixo poder discriminatório, sendo incapaz de identificar subvariantes e variantes recombinantes. Portanto, é necessário realizar o sequenciamento para obter essas informações. Assim, o RT-qPCR pode ser utilizado como uma metodologia complementar ao WGS para um rastreamento abrangente e mais rápido das variantes em circulação.

Palavras-chave: SARS-CoV-2 RT-qPCR WGS

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.102890

AVALIAÇÃO DA PERDA MEMÓRIA EM PACIENTES COM SÍNDROME PÓS-COVID-19 EM UMA UNIDADE DE REFERÊNCIA EM BELÉM-PA, NORTE DA AMAZÔNIA

Pamela de Oliveira Batista*,
Luana Wanessa Cruz Almeida, Evelen da Cruz Coelho,
Andrio Silva da Silva, Maria Inês Caricchio da Silva,
Kárila Larissa Pereira de Oliveira,
Jairisson Augusto Santa Brígida Vasconcelos,
Amanda Caricio Gomes,
Paula Cristina Rodrigues Frade Joseane Rodrigues da Silva, Luisa Caricio Martins,
Rosana Maria Feio Libonati

Universidade Federal do Pará (UFPA), Belém, PA, Brasil

Introdução/Objetivos: A Síndrome Pós-COVID-19 tem sido comumente relatada, os sintomas podem aparecer mesmo um ano pós a infecção pelo SARS-CoV-2. As características da Síndrome Pós-COVID-19 se diferenciam de outras infecções, pois apresentam sintomas multissitêmicos, complicações e sequelas a longo prazo. Dentre as sequelas a perda de memória está entre os sintomas mais prevalentes. Sendo assim, o objetivo desse estudo é avaliar a perda de memória em pacientes com Síndrome Pós-COVID-19 através de ferramentas de rastreio cognitivo.

Métodos: Participaram do estudo um total de 160 pacientes com Síndrome Pós-COVID-19, cadastrados e atendidos no Núcleo de Medicina Tropical, no período de março de 2022 a maio 2023, que relataram queixa de perda de memória. Primeiramente foi aplicado o questionário do Miniexame do estado mental (MEEN), e posteriormanete o Consortium to Establish a Registry for Alzheimer's Disease (CERAD), ambos para rastreio cognitivo (perda de memória). Os dados obtidos foram inseridos em planilhas e analisados pelo programa Microsoft Excel 2010 para a análise descritiva.

Resultados: Do total de 160 avaliações, 124 (78%) eram mulheres com idade que varia entre 21 a 77 anos e 36 (23%) homens com idade 19 a 82 anos. Em relação a autodeclaração de cor, a mais frequente com 95 (59%) eram pardos, 47 (29%) brancos e 18 (11%) pretos. No que se refere ao grau de escolaridade, a maior parte 61 (38%) possuía o ensino médio completo. Em relação ao teste cognitivo do MEEN 128 (80%) dos pacientes foram classificados sem perda cognitiva (escore > 25), 27 (17%) apresentaram perda cognitiva leve (escore entre 21 a 24) e 5 (3%) moderada (escore 10 a 20). Referente a avaliação do CERAD, 116 (73%) apresentaram normalidade nos parâmetros do teste (escore > 25) e 44 (28%) ficaram abaixo da normalidade (escore < 14).

Conclusão: Embora as investigações com os testes para avaliar a função cognitiva tenham apresentado normalidade na maioria dos pacientes, observou-se que houve casos leves e moderados sugestivos de comprometimento de perda de memória pelo MEEN. Assim como, na avaliação do CERAD que também demonstrou alteração no comprometimento da perda da memória. O que demostra a importância de mais investigações acerca do assunto, contribuindo para melhora na qualidade de vida e prevenção dos agravos das sequelas da Síndrome Pós-COVID-19.

Palavras-chave: Perda de memória Síndrome Pós-COVID-19 Belém Sequelas

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.102891

AVALIAÇÃO DA QUALIDADE DE VIDA EM PACIENTES COM SÍNDROME PÓS-COVID-19 ATENDIDOS EM UM AMBULATÓRIO DE REFERÊNCIA EM BELÉM-PA

Kárila Larissa Pereira de Oliveira*,
Jairisson Augusto Santa Brigida Vasconcelos,
Luana Wanessa Cruz Almeida, Evelen da Cruz Coelho,
Pamela de Oliveira Batista,
Rosana Maria Feio Libonati Bebiano,
Regiane Miranda Arnund Sampaio,