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,