

^d Serviço de Diagnóstico Laboratorial, Hospital de Clínicas de Porto Alegre (HCPA), Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS), Porto Alegre, RS, Brasil;

^e Serviço de Genética Médica, Hospital de Clínicas de Porto Alegre (HCPA), Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS), Porto Alegre, RS, Brasil

Introdução: A memória imunológica para o SARS-CoV-2 fornece proteção a longo prazo, podendo ser adquirida por infecção natural ou por vacinação. As células T de memória oferecem suporte para produção de anticorpos (CD4) ou lise celular (CD8) em caso de nova infecção. A IL-15 é uma citocina crítica para a proliferação basal de células T. O polimorfismo rs2228059 T>G no gene IL15R α foi estudado em diferentes populações por influenciar na formação do receptor de IL-15, podendo interferir na ativação e duração das células de memória, mas nenhum estudo incluiu indivíduos do sul do Brasil. O objetivo deste trabalho é estabelecer as frequências alélica e genotípica do polimorfismo rs2228059 T>G no gene IL15R α em uma população de indivíduos oriundos do Biobanco do Hospital de Clínicas de Porto Alegre.

Metodologia: Um total de 383 indivíduos com e sem infecção prévia por SARS-CoV-2 foram selecionados do Biobanco. Até o momento, o DNA extraído de sangue periférico de 97 indivíduos foi submetido à genotipagem por discriminação alélica utilizando a sonda TaqMan C1882528_10 (ThermoFischer Scientific, USA).

Resultados: A frequência alélica observada para o alelo T foi 0,505 e para o alelo G foi 0,495. As frequências genotípicas foram: TT 0,289; GG 0,278 e TG 0,433. Entre as 33 (34%) amostras analisadas com histórico positivo para COVID-19, 36,4% (12/33) foram homozigotas GG, 48,5% (16/33) heterozigotas TG e 15,1% (5/33) homozigotas TT. Entre os 30 indivíduos negativos para COVID-19 (30,9%), o polimorfismo rs2228059 T>G foi identificado em 20% (6/30) em homozigose GG, 40% (12/30) em heterozigose TG e 40% (12/34) apresentaram o genótipo TT. Foram analisadas 34 amostras de indivíduos que não foram testados para COVID-19, e os resultados foram: 32,3% (11/34) apresentaram genótipo TT, 26,5% (9/34) homozigoto GG e 41,2% (14/34) heterozigoto TG.

Conclusão: A frequência de heterozigotos para o polimorfismo rs2228059 T>G foi a mais elevada (0,433) na população analisada. A genotipagem dos demais indivíduos será realizada para determinar com maior confiabilidade a frequência deste polimorfismo em nossa população. Ademais, a quantificação de células de memória por citometria de fluxo e a genotipagem do polimorfismo serão realizados em uma população independente para avaliar a influência da variante rs2228059 T>G na manutenção de células T de memória. Essa informação pode guiar campanhas de vacinação em regiões em que a população possa ter menor manutenção de memória imunológica.

Palavras-chave: Imunologia Imunogenética Virologia SARS-CoV-2 COVID-19

GRUPO TÉCNICO DE COVID-19 EM UMA UNIVERSIDADE PÚBLICA DO RIO DE JANEIRO. EXPERIÊNCIA DE ENFRENTAMENTO DA PANDEMIA NA ASSISTÊNCIA, PESQUISA E EXTENSÃO

Ana Cristina Cisne Frota*, Alberto Chebabo, Roberto de Andrade Medronho, Guilherme Travassos Horta, Terezinha Marta Pereira Pinto Castineiras, Amílcar Tanuri, Angelucia Muniz, Cássia Curan Turci, Claudio Miceli de Farias

Universidade Federal do Rio de Janeiro (UFRJ), Rio de Janeiro, RJ, Brasil

Introdução/Objetivo: A pandemia de covid-19 impactou de forma rápida e importante a sociedade e os serviços de saúde. Lockdown, desabastecimento de insumos hospitalares, indisponibilidade de testes diagnósticos e perda de força de trabalho foram fatos, em especial no primeiro ano. O objetivo do estudo é descrever as ações estabelecidas por uma universidade pública para conter o impacto da pandemia em sua comunidade e seus desdobramentos.

Métodos: Estudo descritivo envolvendo ações tomadas entre fev/2020 e dez/2022 em uma universidade pública do Rio de Janeiro.

Resultados: A partir da nomeação da reitoria, foi constituído grupo técnico (GT) multidisciplinar em fev/2020 envolvendo várias Unidades da Universidade. O GT atuou para definir ações de enfrentamento no âmbito da Universidade, na comunicação e orientação da população e no apoio aos órgãos governamentais de saúde no Estado do Rio de Janeiro. Baseado nas recomendações do GT, a universidade foi a primeira a declarar fechamento e interrupções das atividades no país. Foram elaboradas recomendações e notas técnicas para o corpo social (como uso de equipamentos de proteção individual, afastamento de profissionais de saúde e de outras áreas e fechamento de ambientes de ensino) e plano de contingência. Foi criado Centro de Testagem que serviu à universidade e posteriormente aberto para profissionais de saúde extra-universidade e sociedade civil, que ao final se constituiu em unidade própria para enfrentamento de doenças infecciosas emergentes e reemergentes. Criado portal para combater a infodemia e orientar a comunidade, utilizando modelos preditivos sofisticados e dashboard atualizado (COVIDÍMETRO). O GT atuou em várias frentes como: produção de álcool na Faculdade de Química para abastecer as Unidades, organização de voluntariado (cerca de 2000 pessoas), desenvolvimento de vacina de covid-19 e de teste sorológico com purificação da Proteína S, desenvolvimento e produção de faceshield em colaboração com a PUC/Rio e a FIERJ e desenvolvimento de ventilador mecânico e oxímetro com tecnologia nacional.

Conclusão: O GT Covid-19 foi fundamental para a Universidade enfrentar os desafios da pandemia. Além disto, prestou apoio ao enfrentamento da pandemia em atividades de extensão, ajudando a combater a infodemia e atuando no apoio científico às instituições estaduais na gestão da pandemia, evoluindo com a criação de um centro de testagem e desenvolvimento de pesquisas para o enfrentamento de novas doenças.

Palavras-chave: Covid-19 Pandemia Universidade Extensão Pesquisa

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.102919>

INTERNAMENTOS HOSPITALARES POR COINFEÇÃO COVID-19/INFLUENZA

Karen Helen Rodrigues Carneiro*,
Luís Arthur Brasil Gadelha Farias,
Paulo Jonas Rabelo Nobre, Lisandra Serra Damasceno

Universidade Federal do Ceará (UFC), Fortaleza, CE, Brasil

Introdução/Objetivos: A covid-19 afetou populações em todo o mundo como uma das principais causas de morbimortalidade na atualidade. Em períodos sazonais há a circulação de vírus respiratórios, sendo possível que as coinfeções elevem o potencial de internamento, principalmente, em indivíduos que evoluem com síndrome respiratória aguda grave (SRAG). Esse estudo objetiva descrever as características clínico-epidemiológicas de pacientes com infecção covid-19/Influenza internados no Hospital São José de Doenças Infecciosas (HSJ).

Métodos: Estudo transversal de pacientes adultos internados com a coinfeção confirmada por método molecular (Allplex™ SARS-CoV-2/FluAFluB/RSV Assay ou Painel respiratório Filmarray Multiplex), em amostras respiratórias, no HSJ, entre 2022-2023.

Resultados: No período do estudo, foram identificados dez pacientes com a coinfeção covid-19/Influenza. Seis pacientes eram do sexo masculino, e quatro do sexo feminino. A mediana de idade foi de 54 anos [IQR 43 – 62]. Sete pacientes eram procedentes de Fortaleza-CE. Nove tinham comorbidades, sendo as comorbidades mais comuns hipertensão arterial sistêmica (n = 3), diabetes mellitus tipo 2 (n = 3) e infecção pelo HIV (n = 2). Os pacientes com HIV apresentavam imunossupressão avançada (linfócitos T CD4+ < 50 cel/mm³). Informações sobre vacinação para covid-19 estavam presentes em sete pacientes, dos quais, quatro (57%) haviam sido vacinados. Os sintomas mais comuns à admissão foram: febre (70%), tosse (60%), dispneia (40%) e hipoxemia (30%). Seis pacientes foram admitidos com SRAG. Nove pacientes necessitaram de suporte de oxigênio, sendo quatro por cateter nasal de baixo fluxo, dois por máscara reservatório, e três por ventilação mecânica invasiva. Nove pacientes realizaram tomografia computadorizada de tórax. Os principais achados foram: opacidades em vidro fosco (44,5%), derrame pleural (44,5%), consolidações (33,4%) e atelectasias (33,4%). Cinco pacientes evoluíram para óbito; três por pneumonia associada à ventilação mecânica (PAV), um por choque séptico e outro por histoplasmosse disseminada.

Conclusão: Apesar do número pequeno de pacientes deste estudo devemos estar atentos à gravidade e às potenciais complicações desta coinfeção respiratória. É possível, que tenhamos muitos mais casos, porém o acesso aos métodos moleculares com alvo em múltiplos agentes, ainda é difícil para a população em geral.

Palavras-chave: Covid-19 Coinfeção Influenza Internamentos

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.102920>

INTERNAMENTOS POR COVID-19 EM DOIS DIFERENTES MOMENTOS DA PANDEMIA EM UM HOSPITAL TERCIÁRIO NO SUL DO BRASIL: IMPACTO DA VARIANTE GAMMA

Natália Ramos Domino*, Sonia Mara Raboni,
Felipe Zhen, Emanuelli Cristini Souza da Costa,
Luciane A Pereira, Vitor Ilyu Moriya,
Bruna Amaral Lapinski, Guilherme Eiji Yamaguto,
Meri Bordignon Nogueira, Ricardo Rasmussen Petterle

Universidade Federal do Paraná (UFPR), Curitiba, PR, Brasil

Introdução: A pandemia causada pelo SARS-CoV-2 atingiu virtualmente todos os países do mundo. No Brasil, devido à diversidade regional e socioeconômica, houve diferenças na evolução dos casos e óbitos nas diferentes regiões. O surgimento de variantes de interesse (VOI) levantou preocupações a respeito de cepas mais contagiosas e virulentas. Neste estudo, buscamos traçar o perfil clínico e epidemiológico da população hospitalizada por COVID-19 em um hospital no sul do Brasil em dois diferentes momentos da pandemia, correlacionando com as variantes predominantes em cada período.

Métodos: Foi realizado um estudo retrospectivo de março de 2020 a julho de 2021. Os dados epidemiológicos, clínicos e de desfecho foram coletados através da ficha de notificação do Sistema de Informação de Vigilância Epidemiológica (SIVEP-Gripe) e revisão de prontuário. Amostras respiratórias positivas para SARS-CoV-2 foram genotipadas por RT-qPCR, e as variantes foram caracterizadas usando sistemas de genotipagem por sondas.

Resultados: Dados de 2.887 indivíduos foram analisados, sendo 1.495 da primeira onda e 1.392 da segunda onda. Houve predomínio do sexo masculino nas duas ondas e a mediana de idade foi significativamente mais baixa na segunda onda do que na primeira (59 anos e 52 anos, respectivamente; $p < 0.001$). O genótipo Wild foi predominante na primeira onda, enquanto o genótipo Gamma foi predominante na segunda onda. A prevalência geral de comorbidades foi semelhante nos dois períodos. Doenças cardiovasculares e diabetes tipo 2 foram mais frequentes na primeira onda, enquanto obesidade foi mais frequente na segunda onda. Não houve diferença estatisticamente significativa entre as duas ondas em relação à frequência de sintomas relatados no momento da admissão, sendo dessaturação, dispneia e tosse os sintomas mais comuns. A mediana de tempo entre o início dos sintomas e a admissão hospitalar aumentou da primeira para segunda onda ($p < 0.001$). Não houve diferença estatisticamente significativa entre as duas ondas em relação à gravidade da doença e os desfechos clínicos, com taxa de fatalidade em torno de 22% observada nos dois períodos.

Conclusão: A pandemia de COVID-19 no Brasil foi caracterizada por picos de casos e óbitos, cada qual com características clínicas e epidemiológicas distintas, decorrentes de novas variantes virais. Apesar disso, não houve aparente aumento na gravidade da doença com o surgimento dessas novas variantes.

Palavras-chave: COVID-19 SARS-CoV-2 variante Gamma fatores de risco gravidade

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.102921>