

1738

**O GENÓTIPO A/A DO POLIMORFISMO RS2304256 NO GENE TYK2 ESTÁ ASSOCIADO COM RISCO PARA ÓBITO EM MULHERES COM COVID-19**

CATEGORIA DO TRABALHO: PESQUISA

Cristine Dieter, Felipe Mateus Pellenz, Letícia de Almeida Brondani, Natália Emerim Lemos, Ariell Freires Schaeffer, Caroline Zanotto, Denise Taurino Ramos, Joiza Lins Camargo, Karla Suzana Moresco, Lucas Lima da Silva, Mariana Rauback Aubin, Mayara Souza de Oliveira, Tatiana Helena Rech, Fernando Gerchman, Luís Henrique Canani, Cristiane Bauermann Leitao, Daisy Crispim

HOSPITAL DE CLÍNICAS DE PORTO ALEGRE

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL

**Introdução:** A COVID-19, causada pelo SARS-CoV-2, apresenta manifestações clínicas que variam desde a forma assintomática até a forma severa, que pode progredir para pneumonia e insuficiência respiratória, disfunções de múltiplos órgãos e morte. Embora idade avançada, sexo masculino, obesidade e outras comorbidades estejam associados com o risco para a forma severa, esses fatores não explicam toda a variabilidade interindividual na gravidade da COVID-19. Neste contexto, alguns estudos mostram que polimorfismos genéticos podem contribuir para a suscetibilidade e/ou gravidade da COVID-19; no entanto, os resultados ainda são inconclusivos. **Objetivo:** Investigar a associação dos polimorfismos rs2285666/ACE2, rs12329760/TMPRSS2, rs2109069/DPP9, rs2304256/TYK2, rs1990760/IFIH1, rs2236757/IFNAR2, rs3775291/TLR3, rs368234815/IFNL4 e rs1799752/ACE1 com risco para óbito por COVID-19. **Metodologia:** Este estudo foi realizado utilizando amostras de DNA do Biobanco do Hospital de Clínicas de Porto Alegre, Coleção COVID-19 [(DOI: 10.22491/hcpa-biobanco-amostras; <https://biobanco-covid-19.hcpa.edu.br/amostras>); GPPG 2020-0218]. Foram incluídos 842 pacientes com COVID-19, sendo estes classificados em: 644 pacientes sobreviventes e 198 pacientes que vieram a óbito. A genotipagem dos polimorfismos foi realizada por PCR em tempo real. **Resultados:** Dos 842 indivíduos incluídos, 46,1% eram mulheres e a média de idade foi de  $58,8 \pm 16,4$  anos. Na amostra geral, as frequências dos polimorfismos analisados até o momento (rs2285666/ACE2, rs12329760/TMPRSS2, rs2109069/DPP9 e rs2304256/TYK2) não diferiram entre os grupos. Após estratificação por sexo, o genótipo A/A do polimorfismo rs2304256/TYK2 foi mais frequente em mulheres que vieram a óbito vs. mulheres sobreviventes [11,5% vs. 3,7%; RC 4,04 (IC95% 1,50-10,90),  $p=0,006$ ; modelo recessivo ajustando-se para idade]. O genótipo T/T do polimorfismo rs12329760/TMPRSS2 parece ser mais frequente no grupo de mulheres sobreviventes vs. mulheres que vieram a óbito [2,6% vs. 6,3%; RC 2,95 (IC95% 0,88-9,92),  $p=0,080$ ; modelo recessivo ajustando-se por idade]. Em homens, nenhum dos 4 polimorfismos diferiu entre os grupos. **Conclusão:** Até o momento, o presente estudo demonstrou a associação do genótipo A/A do polimorfismo rs2304256/TYK2 com risco aumentado para óbito por COVID-19 em mulheres. Esse gene está envolvido na sinalização intracelular de diversas citocinas e interferon I, tendo um papel fundamental na imunidade contra vírus.

1743

**O IMPACTO DA COVID-19 NAS OCORRÊNCIAS DE TRÂNSITO EM PORTO ALEGRE**

CATEGORIA DO TRABALHO: PESQUISA

Gustavo Costa Pereira, Mailton França de Vasconcelos, Flavio Pechansky, Juliana Nichterwitz Scherer

HOSPITAL DE CLÍNICAS DE PORTO ALEGRE

UNIVERSIDADE DO VALE DO RIO DOS SINOS

**Introdução:** As medidas restritivas para a COVID-19 impactaram na circulação de motoristas, nas vias e na fiscalização de trânsito, propiciando um ambiente em que limites de velocidade e demais regras de trânsito fossem potencialmente desrespeitados. Além disso, o provável aumento do uso de álcool e drogas e os altos níveis de estresse e ansiedade observados durante a pandemia podem ter potencializado essas condutas. Com um histórico de alta mortalidade por colisões de trânsito (CT), percebe-se a importância da avaliação de quais mudanças ocorreram no trânsito durante a pandemia no ano de 2020 em nosso país. **Objetivo:** Descrever e comparar a ocorrência e a gravidade das CTs registradas em Porto Alegre antes e após o início da pandemia da COVID-19 em 2020. **Método:** Estudo observacional, com análise secundária dos dados abertos de Porto Alegre referentes à mobilidade urbana. Foram realizadas análises dos 82.138 CTs registradas entre 2015 e 2020. As associações entre variáveis categóricas e quantitativas foram verificadas por qui-quadrado e teste t de student, respectivamente.

Resultado: Porto Alegre apresentou uma média anual de 13.690 CTs entre 2015 e 2020. Nesse período, a média de feridos relatados foi de cerca de 5.620 casos ao ano. Em 2020 ocorreram 4.413 CTs com feridos. Mesmo com a redução da circulação observada a partir de março de 2020, a proporção de feridos não está distribuída diferentemente em relação aos outros anos, o que também é visível quando considerada a média diária de CTs registradas em 2015. Comparando todas as notificações em análise, um número médio de 39,77 CTs/dia foi notificado diariamente em Porto Alegre desde 2015. Em 2020, essa média diminuiu para 22,76 ( $p < 0,001$ ), sem diminuição proporcional de CTs que resultaram em feridos. A proporção de CTs com feridos aumentou em relação ao número de colisões, com média diária de 0,44 antes do isolamento social e 0,54 após esta medida ( $p < 0,001$ ). A média diária de casos e a razão de casos com feridos não retornou aos níveis médios históricos até o fim de 2020. Conclusão: A pandemia parece ter tido um grande impacto na diminuição do número de notificações de CTs. Entretanto, apesar de haverem ocorrido menos CTs durante 2020, estas foram mais graves, em decorrência da maior proporção de feridos. Assim, é de suma importância reforçar as medidas de fiscalização durante o isolamento social e implementar ações para dissuadir a população quanto ao cumprimento das regras e normas de trânsito.

1752

### **COVID-19 EM RINS: EFEITOS NA EXPRESSÃO GÊNICA DIFERENCIAL A PARTIR DE ANÁLISE SECUNDÁRIA DE TRANSCRIPTOMAS**

CATEGORIA DO TRABALHO: PESQUISA

Giovanna Câmara Giudicelli, Vinicius Oliveira Lord, Thayne Woycinck Kowalski, Mariana Recamondemendoza, Fernanda Sales Luiz Vianna

HOSPITAL DE CLÍNICAS DE PORTO ALEGRE

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL

Apesar de ser causada por um vírus respiratório, a COVID-19 é uma condição sistêmica que pode afetar diferentes órgãos, inclusive a saúde renal. Já existem relatos de efeitos renais relacionados à COVID-19 em longo prazo. Porém, os mecanismos de patogênese do SARS-CoV-2, especialmente não-respiratórios, precisam ser melhor explorados. O objetivo deste estudo foi investigar, através da análise de transcriptomas publicamente disponíveis, genes que seriam afetados pela COVID-19 nos rins. Foi analisada a expressão gênica diferencial de diferentes tecidos de pacientes com COVID-19, através do estudo GSE150316, disponível no repositório Gene Expression Omnibus (GEO). Os dados brutos foram analisados usando a plataforma Galaxy e em R, através do pacote edgeR. As seguintes comparações foram avaliadas: rim vs. pulmão e rim vs. outros tecidos. A fim de selecionar genes mais específicos ao rim, foi realizada a comparação pulmão vs. outros tecidos. Genes diferencialmente expressos com  $\log_{2}FC \geq 2$  ou  $\leq -2$  e valor-P ajustado  $< 0.05$  foram considerados significativos. O enriquecimento de ontologias gênicas (GO) foi analisado usando a ferramenta g:GOST do g:Profiler. Foram encontrados 232 genes com expressão alterada no rim, sendo 163 na comparação rim vs. pulmão e 106 na comparação rim vs. outros tecidos; 37 genes eram comuns às duas comparações. Dos 232 genes inicialmente obtidos, 63 foram excluídos das análises posteriores, pois também foram identificados na comparação pulmão vs. outros tecidos. As GO enriquecidas na comparação rim vs. pulmão sugere que os genes diferencialmente expressos estão relacionados principalmente a atividades metabólicas mitocondriais. Na comparação rim vs. outros tecidos, as GO enriquecidas são principalmente associadas ao desenvolvimento embrionário renal. A ausência de enriquecimento de GO de resposta inflamatória pode ser justificada pela exclusão dos genes não específicos ao tecido renal, uma vez que a inflamação é um processo sistêmico. O impacto da expressão diferencial dos genes de desenvolvimento renal em proliferação celular e em eventuais nefropatias precisa ser melhor estudado. Como perspectiva, pretende-se avaliar transcriptomas de pessoas com alguma nefropatia e comparar aos resultados obtidos neste estudo. Assim será possível investigar se os genes aqui encontrados estão também associados a essas nefropatias, o que poderia implicar em um risco maior de agravar a COVID-19 em pacientes que possuem alguma disfunção renal prévia.