

**POLIMORFISMO G8790A (RS2285666) DO GENE ACE2 EM PACIENTES
INFECTADOS PELO SARS-COV-2 E SUA RELAÇÃO COM A EVOLUÇÃO DA
DOENÇA E COMORBIDADES**

SARAH CRISTINA FERREIRA

INTRODUÇÃO: Em 2020 a OMS oficializou o surto da COVID-19 como pandemia, causada pelo agente patogênico SARS-CoV-2. Foi nítido observar a heterogeneidade dos sintomas e progressão da doença entre os pacientes, bem como a presença ou ausência de comorbidades. Um dos fatores que influenciam a gravidade da infecção é o receptor de entrada do patógeno nas células. No caso da COVID-19, trata-se da enzima conversora de angiotensina 2, ACE2. Neste sentido, muitos estudos procuraram avaliar se a presença de polimorfismos no gene da ACE2 poderia indicar um pior prognóstico da doença. **OBJETIVOS:** Genotipar homens e mulheres entre 22 e 75 anos do Vale do Itajaí, Santa Catarina, acometidos de forma grave (necessidade de assistência médica especializada prolongada como internação e entubação) e leve (reações como febre, mialgia e anosmia) pelo coronavírus, a fim de correlacionar o polimorfismo G8790A do gene ACE2 com a severidade da infecção e a presença de comorbidades como obesidade, diabetes e hipertensão. **METODOLOGIA:** Através de uma amostragem estratificada com grupo de casos (pessoas que apresentaram pneumonia, síndrome respiratória aguda grave, etc durante a COVID-19) e grupo de controles (pessoas com sintomas leves na infecção por COVID-19), as células da mucosa bucal dos pacientes usuários do Hospital Escola da Universidade Regional de Blumenau foram extraídas e a técnica de PCR-RFLP foi aplicada, utilizando primers específicos para o gene ACE 2 e a enzima de restrição *AluI*. **RESULTADOS:** 20 participantes foram genotipados, sendo 10 casos e 10 controles. As frequências alélicas entre o grupo de casos foram de A=0,05 e G=0,95, enquanto as frequências alélicas entre o grupo de controles foram de A=0,1 e G=0,9. Entre os 13 participantes que relataram alguma comorbidade as frequências alélicas foram de A=0,038 e G=0,962. A frequência alélica entre os 7 pacientes que relataram não possuir nenhuma comorbidade foi de A=0,143 e G=0,857. **CONCLUSÃO:** Apesar de bastante intuitivo, não foi possível associar a presença do alelo A com a severidade da infecção pela COVID-19 e presença de comorbidades. O processo de infecção depende também do sistema imune, idade do paciente e condições subjacentes de saúde.

Palavras-chave: Polimorfismo, G8790a, Covid19, Gravidade, Comorbidade.