



XXXV SALÃO de INICIAÇÃO CIENTÍFICA

6 a 10 de novembro

Evento	Salão UFRGS 2023: SIC - XXXV SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2023
Local	Campus Centro - UFRGS
Título	Caracterização do microbioma do trato respiratório superior de pacientes com COVID-19
Autor	LORENZO GÓMEZ WEBER
Orientador	ANDREZA FRANCISCO MARTINS

O microbioma humano é uma comunidade microbiana que exerce um papel importante nas funções imunológicas do hospedeiro. Assim, este estudo buscou caracterizar a composição do microbioma de pacientes com COVID-19 em comparação a um grupo controle. Seguindo os critérios de severidade da COVID-19 determinados pela OMS, 80 amostras de swab nasal/orofaringe foram selecionadas, divididas igualmente em 4 grupos. Os grupos 1 e 3 eram pacientes positivos para COVID-19 por RT-qPCR, que tiveram a doença em graus moderado e grave, respectivamente, enquanto os grupos 2 e 4 testaram negativo, sendo compostos por indivíduos com insuficiência respiratória aguda e assintomáticos altamente expostos, respectivamente. O DNA foi extraído e a região V3V4 do gene 16S rRNA foi amplificada por PCR conforme protocolo para sequenciamento da plataforma Illumina MiSeq. As análises de bioinformática foram executadas na plataforma RStudio, onde foi feita a anotação taxonômica e analisadas a alfa-diversidade, pelo Índice de Shannon e pela Riqueza Observada; a beta-diversidade, pela dissimilaridade de Jensen-Shannon e pelo índice de divergência de Bray-Curtis; e a abundância diferencial, pelo algoritmo ANCOM-BC2 seguido de análise de comparações pareadas com variação em escala logarítmica. O grupo 1 ($p=0,02137$) apresentou uma alfa-diversidade estatisticamente maior que o grupo 3. Quanto à abundância diferencial, da mesma forma, as diferenças mais significativas ocorreram entre os grupos 3 e 4, com o grupo 3 apresentando um número maior de táxons considerados patógenos oportunistas e um número menor de táxons da microbiota normal. Os resultados obtidos mostraram que as análises de beta-diversidade não foram estatisticamente significativas. Os achados sugerem que a microbiota pode ter um papel fundamental na susceptibilidade do hospedeiro e na modulação da resposta imune, podendo ser decisiva na progressão da doença.