

# I CONGRESSO BioMedLab

ASSOCIAÇÃO PORTUGUESA DE CIÊNCIAS BIOMÉDICAS LABORATORIAS



EPBS  
PATRONAGE  
ATRIBUIÇÃO DE 5  
EUROPEAN CPD CREDITS

## Certificado

Certifica-se que **Ana Amorim, M<sup>a</sup> João Caldeira, Tifany Pereira, Josiana Vaz & Carina Rodrigues** são autores do poster **“Alelos de grupo sanguíneo do Sistema ABO e suscetibilidade para a doença COVID-19: Revisão Sistemática”** apresentado por **Ana Amorim** no I Congresso da BioMedLab, que decorreu nos dias 10,11 e 12 de março de 2023, no Centro de Congressos Alfândega do Porto.

O Presidente do I Congresso da BioMedLab  
Fernando José Figueiredo Agostinho d'Ábreu Mendes

O Presidente da Comissão Instaladora da  
BioMedLab  
Rubon Marcelo Simão Nunes

**BioMedLab**  
ASSOCIAÇÃO PORTUGUESA DE CIÊNCIAS BIOMÉDICAS LABORATORIAS

## VARIAÇÕES ALÉLICAS DE GRUPO SANGUÍNEO DO SISTEMA ABO E SUSCETIBILIDADE PARA A DOENÇA COVID-19: REVISÃO SISTEMÁTICA

Ana Amorim<sup>1\*</sup>, M<sup>a</sup> João Caldeira<sup>2\*</sup>, Tifany Pereira<sup>2\*</sup>, Josiana Vaz<sup>\* 2\* 3\*</sup> & Carina Rodrigues<sup>2\* 3\*</sup>

<sup>1\*</sup> Instituto Politécnico de Bragança, Bragança, Portugal; <sup>2\*</sup> Centro de Investigação de Montanha (CIMO), Instituto Politécnico de Bragança, Bragança, Portugal; <sup>3\*</sup> Laboratório Associado para a Sustentabilidade e Tecnologia em Regiões de Montanha (SusTEC), Instituto Politécnico de Bragança, Bragança, Portugal

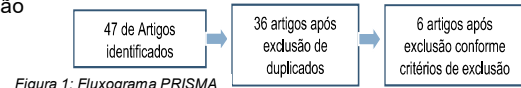
\* josiana@ipb.pt

### RESUMO

A COVID-19 é uma doença causada pelo vírus SARS-COV-2 que recentemente teve um grande impacto mundial pela sua evolução pandémica. O sistema ABO tem sido associado a certas doenças ao longo do tempo, e mais recentemente iniciaram estudos sobre a sua associação com a doença da COVID-19. Acredita-se a genética dos hospedeiros podem contribuir nas diversas manifestações clínicas e na severidade da doença apresentadas de indivíduo para indivíduo. Como tal, este estudo teve o objetivo de perceber se as variações genéticas encontradas cromossoma 9 do locus do gene ABO podem ter influência na suscetibilidade dos indivíduos para a doença COVID-19.

### METODOLOGIA

As recomendações PRISMA foram utilizadas para a elaboração deste estudo com o auxílio da ferramenta *Rayyan*. A pesquisa foi realizada nas plataformas *PubMed* e *WebOfScience* com os seguintes descritores booleanos: : [(((COVID-19) OR (SARS-COV-2)) AND ((ABO GENOTYPE) OR (ABO ALLELIC VARIANTS) OR (SNP)) AND (ABO BLOOD GROUP) AND (SEVERITY))]. Foram incluídos estudos de qualquer tipo de metodologia científica que relacione variantes alélicas de genótipos do sistema ABO e sintomatologia ou severidade da COVID-19, sem limitações temporais, e foram excluídos estudos escritos em línguas que não a inglesa, portuguesa ou espanhola, bem como artigos de revisão



### RESULTADOS

Artigo	Genótipos do Gene ABO Analisados	Resultado
(Lehrer & Rheinstein, 2021)	rs657152	Não encontram associação com a severidade da COVID-19.
(Gómez et al., 2021)	rs8176719 com deleção de um alelo G: Grupo O. Com alelo G: AA rs8176746: AO, AB, ou BO rs1053878: Variante A1 rs41302905: Variante A2	Apresentou um fator de risco para a severidade da COVID-19 nos genótipos dos indivíduos do grupo A.
(Ellinghaus D; et al., 2020)	rs657152	Apresentou um maior suscetibilidade para a COVID-19 no grupo A, comparativamente a grupos não-A e uma menor suscetibilidade no grupo O comparado com os não-O.
(Wu et al., 2021)	rs8176719	Apresentou menor severidade para a COVID-19 em indivíduos com alelos T/T homocigóticos, que é característica do grupo O.
(Nishida et al., 2022)	rs8176719: Grupo O rs8176747: Grupo A ou B	Apresentou-se que o grupo O tem menor risco de desenvolver COVID-19 ao contrário do grupo A que apresenta maior risco de doença.
(Wang et al., 2021)	rs529565 ou rs8176719: Grupo O rs635634: Grupo A rs7030248: Grupo B rs687289: Grupo AB	Por um estudo mendeliano randomizado o grupo O apresentou mais suscetibilidade à COVID-19 enquanto o grupo A foi menos suscetível.

### DISCUSSÃO

Perante os resultados obtidos nos estudo analisados é possível perceber que o genótipo do sistema ABO dos hospedeiros podem influenciar na severidade da doença, apesar destes mecanismos ainda não estarem bem definidos.

Estudos sobre as influencias genéticas dos indivíduos são de grande importância, uma vez que perceber como o sistema imunitário responde à infeção do SARS-COV-2 pode ser útil para delinear estratégias de tratamentos e planos de prevenção de modo a identificar as populações de risco, contribuindo para a melhoria da saúde pública. Contudo, mais estudos precisam de ser realizados.

### REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Ellinghaus D, Degenhardt F, Bujanda L, Buti M, Albillos A, Invernizzi P, Fernández J, Prati D, Baselli G, Asselta R, Grimsrud MM, Milani C, Aziz F, Kässens J, May S, Wendorf M, Wienbrandt L, Ullendahl-Werth F, Zheng T, ... Karlsen TH (2020). Genomewide Association Study of Severe Covid-19 with Respiratory Failure. *New England Journal of Medicine*, 383(16), 1522-1534. <https://doi.org/10.1056/NEJMoa2020283>
- Gómez, J., Albaladejo, G. M., García-Clemente, M., García-Gala, J. M., & Cobo, E. (2021). DNA genotyping of the ABO gene showed a significant association of the A-group (A1/A2 variants) with severe COVID-19. In *European Journal of Internal Medicine* (Vol. 88, pp. 129-132). Elsevier B.V. <https://doi.org/10.1016/j.ejim.2021.02.016>
- Lehrer, S., & Rheinstein, P. H. (2021). ABO blood groups, COVID-19 infection and mortality. *Blood Cells, Molecules, and Diseases*, 89. <https://doi.org/10.1016/j.bcmd.2021.102571>
- Nishida, N., Sugiyama, M., Kawai, Y., Naka, I., Iwamoto, N., Suzuki, T., Suzuki, M., Miyazato, Y., Suzuki, S., Izumi, S., Hojo, M., Tsuchiura, T., Ishikawa, M., Chashin, J., Ohmagari, N., Tokunaga, K., & Mizokami, M. (2022). Genetic association of IL17 and the importance of ABO blood group antigens in saliva to COVID-19. *Scientific Reports*, 12(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-022-07956-3>
- Wang, M., Gao, J., Liu, J., Zhao, X., & Lei, Y. (2021). Genomic association vs. Serological determination of ABO blood types in a Chinese Cohort, with application in Mendelian randomization. *Genes*, 12(7). <https://doi.org/10.3390/genes12070959>
- Wu, P., Ding, L., Li, X., Liu, S., Cheng, F., He, Q., Xiao, M., Wu, P., Hou, H., Jiang, M., Long, P., Wang, H., Liu, L., Qu, M., Shi, X., Jiang, Q., Mo, T., Ding, W., Fu, Y., ... Wang, C. (2021). Trans-ethnic genome-wide association study of severe COVID-19. *Communications Biology*, 4(1). <https://doi.org/10.1038/s42003-021-02549-5>