

sociais. **Objetivo:** Transmitir informações sobre cuidados em saúde durante a pandemia do COVID-19 para pacientes com Doença Falciforme. **Metodologia:** Os profissionais da saúde foram convidados pela coordenadora da plataforma digital @melhoreviversemdor para realização das “lives” com temas específicos de suas áreas de atuação. Foram convidados dez profissionais, porém apenas nove puderam participar. As “lives” aconteceram entre os meses de junho e junho do corrente ano, em horários previamente combinados e dentro da unidade de saúde, no caso o Instituto Estadual de Hematologia Arthur de Siqueira Cavalcante (HEMORIO). Ao término, as “lives” foram salvas e adicionadas à rede social Instagram no endereço @melhoreviversemdor. **Resultados:** Abaixo relacionamos os temas das “lives”, os profissionais que realizaram a mesma e número de visualizações obtidas no dia da postagem. Essas visualizações foram registradas no Instagram. 1) Tratamento domiciliar da dor na Doença Falciforme – Enfermeira Elvira Carvalho – 233 visualizações. 2) Direitos e Benefícios Sociais no contexto da Pandemia do COVID-19 – Assistente Social Márcia Pereira – 299 visualizações. 3) Orientações de Atividade para a memória durante a Pandemia do COVID-19 – fonoaudióloga Márcia Baima – 162 visualizações. 4) O fantasma do coronavírus no Universo Infantil – psicólogas Daniella Gouget e Joanna D’Arc Bastos – 282 visualizações. 5) Cuidados com o seu bebe durante a Pandemia do COVID-19 – Enfermeira Disleine Xavier – 200 visualizações. 6) Orientações do armazenamento de medicamentos durante a Pandemia do COVID-19 – 263 visualizações. 7) Aspectos jurídicos do doente crônico durante a Pandemia do COVID-19 – Com a advogada e enfermeira Delaine Fidlarczyk e o advogado André Baiserado – 169 visualizações. 8) Abordagem odontológica nas gestantes com Doença Falciforme – Destistas Larissa Melo e Thais Xavier – 198 visualizações. 9) A Importância da boa alimentação na Doença Falciforme em tempos de pandemia do COVID-19 – Nutricionista Karen Cordovil – 236 visualizações. **Conclusão:** A educação em saúde é um processo contínuo que envolve o fornecimento de informações não apenas aos profissionais de saúde, mas também aos pacientes. Esse trabalho teve o objetivo de transmitir conhecimentos de boas práticas em saúde para pessoas que vivem com Doença Falciforme. Todas as “lives” obtiveram mais de 100 visualizações, o que consideramos um resultado positivo, já que foi a primeira vez que a plataforma @melhoreviversemdor executou esse tipo de proposta como veículo de informação. Seguir tendências atuais como o uso de ferramentas virtuais é apostar na modernização da assistência sem perder o profissionalismo e a constante preocupação na melhoria da assistência.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2022.09.1164>

FREQUENCY OF MUTATIONS IN ABCB1 AND ABCB11 GENES IN PATIENTS WITH CHRONIC HEPATITIS C (HCV) IN RIO DE JANEIRO

LB Campos^a, NAA Almeida^a, MMA Pires^b,
CE Brandão-Mello^b, LM Villar^c, JFF Barros^a,
VS Paula^a

^a Laboratório de Virologia Molecular, Fundação
Oswaldo Cruz (FIOCRUZ), Rio de Janeiro, RJ, Brazil

^b Serviço de Gastroenterologia, Hospital
Universitário Gaffrée e Guinle, Universidade Federal
do Estado do Rio de Janeiro (UNIRIO), Rio de Janeiro,
RJ, Brazil

^c Laboratório de Hepatites Virais, Fundação
Oswaldo Cruz (FIOCRUZ), Rio de Janeiro, RJ, Brazil

Introduction: The post-COVID-19 syndrome is characterized by the appearance of symptoms and sequelae up to four weeks after the acute symptoms of COVID-19 and can affect various systems, such as respiratory, hematological and hepatic. Cases of chronic fatigue, thromboembolism events, myalgia and the increase in enzymes associated with liver damage have been reported. It is known that individuals with chronic liver disease, cirrhosis and/or hepatocellular carcinoma are more likely to develop post-COVID-19 syndrome. In addition, mutations in the ABCB1 gene (G2677T, C3435T and C1236T) that encode the drug-export pump (P-glycoprotein) are associated with drug resistance and hepatotoxicity. The T1331C mutation in the ABCB11 gene encodes the bile salt-exporting pump and is associated with cholestasis. Therefore, these mutations may be an aggravating factor for the post-COVID-19 syndrome, especially in hepatocompromised individuals. **Objective:** The aim of this study was to assess the frequencies of mutations in the ABCB1 and ABCB11 genes and to monitor the post-COVID-19 syndrome in patients with liver disease. **Materials and methods:** We analyzed 197 samples from patients with chronic hepatitis C from the Liver Disease Outpatient Clinic of the Gaffrée and Guinle University Hospital. Extraction and mutation analysis by qPCR was performed using TaqMan Assays. **Results:** In the ABCB1 gene, the most frequent mutation was C3435T (rs1045642) in 13.7% (TT), in this group 40.1% were wild-type (CC) and 46.2% were heterozygous (CT). For the C1236T (rs1128503) the frequency of wild-type (CC) was 45.2%, of heterozygotes (CT) 43.6% and mutants (TT) 11.2%. The lowest frequency of mutations in the ABCB1 gene was G2677T (rs2032582) in 8.6% of patients, 52.8% are wild-type (GG) and 38.6% are heterozygous (GT). As for the T1331C (rs2287622) in the ABCB11 gene, most individuals were heterozygotes – TC (51.8%), followed by wild-type – TT (34.0%) and mutants – CC (14.2%). **Discussion:** This is the first study to evaluate the association of cases and severity of post-COVID-19 syndrome with mutations in the ABCB1 and ABCB11. So far, there are only reports in the literature of the association of this mutations with liver damage and resistance to drugs used in the treatment of COVID-19, such as lopinavir and dexamethasone. Therefore, the presence of these mutations could influence the presence of the post-COVID-19 syndrome. **Conclusion:** We observed a greater presence of heterozygous individuals than the other genotypes in the population studied. It is necessary to investigate its association with cases of post-COVID-19 syndrome in hepatocompromised patients, in order to establish the risks associated with the syndrome in these individuals and to understand the influence of these polymorphisms on the clinical picture and evolution of these individuals. **Support:** CAPES and FAPERJ.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2022.09.1165>