

carbapenêmicos blaKPC, blaNDM, e blaOXA-48, e à polimixina B, mcr-1 à mcr-5, bem como à técnica de PFGE para determinação de sua clonalidade.

Resultados: Das 90 amostras, 83 expressaram o gene blaKPC; entretanto, não foram encontrados os genes blaNDM, blaOXA-48 e mcr-1 à mcr-5. Além disso, foram identificados 5 clusters distintos e, dentro destes, várias subdivisões. A identificação fenotípica de resistência aos carbapenêmicos foi confirmada pelos ensaios de biologia molecular que identificaram o envolvimento do gene blaKPC; esse gene é responsável por expressar uma enzima hidrolítica que confere resistência a todos os antimicrobianos β -lactâmicos. Apenas sete amostras não demonstraram a presença de genes relacionados à carbapenemases, sugerindo que sua resistência aos carbapenêmicos seja devida a alterações na permeabilidade da membrana celular associadas à hiperprodução de β -lactamases do tipo AmpC ou ESBL. Interessantemente, não foram encontradas amostras com a presença dos genes plasmidiais mcr-1 à mcr-5, sugerindo que a resistência às polimixinas ocorra por mecanismos cromossomais, devido a mutações ou adaptação a estímulos ambientais adversos.

Conclusão: Esses resultados são relevantes por contribuir na compreensão do perfil epidemiológico da instituição, bem como demonstrar a presença e disseminação de plasmídios de resistência à drogas de amplo espectro, e devem conduzir à medidas eficazes de controle de sua disseminação.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2022.102405>

ÁREA: COVID-19

OR-16

ANÁLISE DA DISPERSÃO TEMPORAL E EPIDEMIOLÓGICA DAS VARIANTES DO SARS-COV-2 NO PERÍODO DE PRÉ-VACINAÇÃO EM MASSA NA CIDADE DE BOTUCATU-SP

Felipe A.S. Costa, Rejane M.T. Grotto, Carlos M.C.B. Fortaleza, Karen Ingrid Tasca, Drielle B.S. Figueiredo, Leonardo Nazario Moraes, Cláudia P.R. Vidotto, Maria M.A. Araújo, Patrícia Akemi Assato, Jayme Augusto Souza-Neto

Universidade Estadual Paulista (UNESP), Botucatu, SP, Brasil

Introdução: Após a circulação das Variantes de Preocupação (VOC) do SARS-CoV-2, Alpha, Beta, Gamma, Delta e, a atualmente predominante, Ômicron, a ampla cobertura vacinal refletiu na drástica redução nos números de óbitos por COVID-19. Em maio de 2021, o município de Botucatu-SP foi palco de uma pesquisa que avaliou a efetividade da Vacina COVID-19 Recombinante/Fiocruz[®] contra variantes do SARS-CoV-2, possibilitando imunização de mais de 60 mil pessoas em um único dia.

Objetivo: Avaliar a dispersão temporal e epidemiológica das variantes do SARS-CoV-2 antes da vacinação massiva que

ocorreu em Botucatu, além de relacioná-las às características clínicas da doença.

Método: Foram selecionadas 400 amostras SARS-CoV-2 positivas, referentes as 4 Semanas Epidemiológicas (SE 16, 17, 18 e 19 de 2021 – sendo 100 amostras por SE) que antecederam a campanha da vacinação em massa. O Sequenciamento de Nova Geração foi utilizado para produzir as sequências e determinar as variantes. Informações clínicas foram extraídas dos relatórios de notificação de casos suspeitos de COVID-19 (E-Sus) e de internação por Síndrome Respiratória Aguda Grave (Sivep-Gripe).

Resultados: Entre todas as amostras positivas incluídas, 86,8% eram de pessoas não vacinadas. Foram geradas e analisadas 371 sequências de alta qualidade. Dessas sequências, 98,65% foram da VOC Gamma e 1,35% da VOC Alpha. Dentro do clado de Gamma, a variante P.1 foi mais frequente (55%) seguida pela sua sublinhagem P.1.14 (42,3%). Quanto a distribuição das VOCs entre diferentes faixas etárias e sexo, a P.1 foi mais incidente do que a P.1.14 nas de 21-30 anos ($p < 0,001$) e 51-60 ($p = 0,047$), e em mulheres ($p = 0,002$). A incidência desta VOC também foi maior para casos leves da doença ($p < 0,001$). A sublinhagem P.1.14 foi mais incidente do que P.1 apenas em pessoas com idade entre 81-90 anos ($p = 0,034$). As amostras com menores valores de CT foram mais associadas aos pacientes sintomáticos ($p = 0,005$). Não houve correlação entre as variantes e a presença de comorbidades nos infectados, tampouco entre elas e os desfechos clínicos internação ou óbito.

Conclusão: A alta predominância de P.1 e P.1.14 em um cenário pré-vacinação em massa pode nos fornecer insights sobre a evolução e epidemiologia molecular do SARS-CoV-2 e suas VOCs emergentes. Dessa forma ressaltamos a importância da vigilância genômica do SARS-CoV-2, que pode ajudar a subsidiar as tomadas de decisões dos setores públicos e manejo da COVID-19.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2022.102406>

OR-17

SALIVA VERSUS SECREÇÃO ORO-NASOFARÍNGEA PARA A DETECÇÃO MOLECULAR DE SARS-COV-2 E SUA CORRELAÇÃO COM O STATUS CLÍNICO E VACINAL

Fabiana Barcelos Furtado, Karen Ingrid Tasca, Cristiane Nonato Silva, Amanda Thais Godoy, Emily T.T. Silva, Leonardo Nazario Moraes, Michelle Venancio Hong, Rafael Plana Simões, Carlos M.C.B. Fortaleza, Rejane M.T. Grotto

Universidade Estadual Paulista (UNESP), Botucatu, SP, Brasil

Introdução: Apesar do padrão-ouro no diagnóstico do SARS-CoV-2 por RT-qPCR ainda ser atribuído à análise de secreções naso-orofaríngea coletadas com swab de rayon, a utilização da saliva pode trazer inúmeros benefícios para a testagem, facilitando a coleta e minimizando custos. Estudos