

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

já relataram que ambos os métodos de coleta são equivalentes no diagnóstico, mas nem sempre há correspondência entre os “cycle threshold” (CT), constante que reflete indiretamente a quantidade de vírus presente na amostra.

Objetivo: Verificar o desempenho diagnóstico de amostras obtidas a partir de secreção naso-orofaríngea e saliva, analisando os valores de CT e correlacionando-os com dados clínicos e status vacinal.

Método: Foram avaliadas 648 amostras detectadas para SARS-CoV-2, provenientes da saliva e secreção naso-orofaríngea dos mesmos indivíduos, coletadas no mesmo dia. Aquelas coletadas em um intervalo de tempo maior, não foram excluídas, mas não foram pareadas na comparação entre os CT. Na predição de prognóstico, foram realizadas comparações independentes entre as variáveis e os CT dos dois tipos de amostras. Foram utilizados na análise o Teste T-pareado, Anova seguido de Tukey e correlações de Spearman. Para extração do RNA viral de modo automatizado usou-se a metodologia in house baseada em beads magnéticas seguida por RT-qPCR (kit Gene Finder™ 2019-nCoV Assay). Dados clínicos foram extraídos dos sistemas de vigilância epidemiológica do município (E-sus, SIVEP-Gripe e Vacivida).

Resultados: Prevaleceu entre os incluídos, o sexo feminino (63,8%) e assintomáticos (78,9%), com idade média de $45,6 \pm 17,3$ anos. A média de CT foi maior nas amostras de secreção ($19,67 \pm 4,92$) em relação a saliva ($26,54 \pm 5,06$, $p < 0.001$), no entanto, correlação positiva entre os CT de ambos os métodos ($p < 0,001$) mostrou a equivalência na acurácia do diagnóstico. Somente as amostras salivares mostraram correlação direta entre CT com quantidade de doses de vacina ($p = 0,029$) e inversa com o tempo de hospitalização ($p = 0,005$). Para os casos de óbitos (5,56%), houve uma tendência crescente em relação com o baixo CT ($p = 0,061$). Demais parâmetros não apresentaram diferenças.

Conclusão: Foi observado que a vacinação contribui para a menor carga viral inferida pelo maior valor de CT e que a utilização da saliva no método de detecção de SARS-CoV-2 é uma alternativa sensível, com melhor custo-benefício e preditora de evolução clínica, sendo, portanto, recomendada para testes de vigilância de Covid-19.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2022.102407>

OR-18

INCIDÊNCIA DE ASPERGIOSE INVASIVA EM PACIENTES COM DIAGNÓSTICO DE COVID-19 GRAVE INTERNADOS EM UNIDADES CRÍTICAS E SEMICRÍTICAS EM UM HOSPITAL PRIVADO BRASILEIRO

Jessica Fernandes Ramos, Tatiana Hoffmann, Camila Ribeiro Gomes, Elisabetta Sachsida Colombo, Fabio Ghilardi

Hospital Sírio-Libanês, São Paulo, SP, Brasil

Introdução: A ocorrência de aspergilose pulmonar vem sendo descrita como complicação em pacientes que desenvolveram Covid-19 grave, recebendo a denominação de CAPA

(Coronavirus Associated Pulmonary Aspergillosis). Sua real incidência e fatores de risco não estão bem estabelecidos.

Objetivo: Determinar a incidência de casos de CAPA em pacientes com COVID-19 grave internados em um hospital privado brasileiro e caracterizar esta coorte.

Método: Estudo retrospectivo, descritivo com levantamento de dados demográficos, clínicos, micológicos e radiológicos de todos os pacientes sob ventilação mecânica (não-invasiva ou invasiva), admitidos entre 01 de junho de 2020 e 31 de maio de 2021. Os casos foram classificados pelos critérios do ECMM/ISHAM. Foram feitas análises descritivas da amostra com base em frequências absolutas e relativas.

Resultados: Foram analisados 998 pacientes, com suspeita de aspergilose em 72 pacientes. Estes casos foram revisados aos pares e 30 foram descartados. Os 42 casos de CAPA foram analisados; 21% classificados como possíveis, 74% prováveis e 5% confirmados. Não houve diagnóstico de forma disseminada da doença. A incidência de CAPA encontrada foi de 4,22 para cada 100 pacientes. Na coorte 73% eram do sexo masculino e a idade média de 75 anos. Diabetes Mellitus (45%) e DPOC (23%) foram as comorbidades mais comuns. Somente 4 pacientes eram imunossuprimidos. A principal espécie foi *Aspergillus fumigatus* (n=21). A detecção de galactomanana (GM) ocorreu em 35% dos pacientes, considerando todos os espécimes. Não houve amostra sérica positiva. Dentre os pacientes com CAPA e GM positiva, a maioria (60%) foi pesquisada em aspirado traqueal e os demais em lavado broncoalveolar. O valor médio de GM foi 3,3. O tempo médio entre a internação e o diagnóstico da infecção fúngica foi de 22,9 dias (0-155 dias). Tratamento antifúngico foi empregado em 59,5% (25/42) dos pacientes. Dentre estes 64% (16/25) receberam triazólicos; 32% receberam anfotericina lipossomal e somente uma terapia combinada. Enquanto em toda coorte a mortalidade intra-hospitalar foi de 15% e entre os pacientes submetidos à ventilação mecânica foi de 25%, nos pacientes com CAPA a mortalidade foi de 54%.

Conclusão: A alta mortalidade e a dificuldade diagnóstica relacionadas à CAPA, inclusive sobre o papel da GM em espécimes como aspirado traqueal, indicam a necessidade de mais estudos que aprimorem a compreensão, prevenção e desfecho dessa entidade clínica. *Ag. Financiadora:* Nenhuma.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2022.102408>

OR-19

MORTALIDADE POR SÍNDROME RESPIRATÓRIA AGUDA GRAVE DURANTE A PANDEMIA DE COVID-19: INFLUÊNCIA DO CONSTRUTO TEÓRICO E ESCOLHA DO MODELO MULTIVARIADO NA VALIDADE DOS ACHADOS

Karen Ingrid Tasca, Michelle Venancio Hong, Camila Gonçalves Alves, Heloiza T.F.C. Silva, João P.M. Pereira, Victor H.A.P. Castro, Diana Fernandes Mezzomo, Jéssica C.T.N. Sousa, Rejane M.T. Grotto, Carlos M.C.B. Fortaleza