

computacionais permitem acompanhar a disseminação de doenças infecciosas como a causada pela infecção pelo vírus SARS-CoV-2, a COVID-19. O monitoramento ativo e contínuo da evolução epidemiológica depende diretamente da vigilância atentando-se às variantes de preocupação, que podem ter maior transmissibilidade, virulência e letalidade que a linhagem original. Neste trabalho, apresentamos os resultados da genotipagem de amostras representativas distribuídas pelas Coordenadorias Regionais de Saúde do município de São Paulo. Os dados disponíveis para quase todo o ano de 2021 possuem informações como a data de coleta, data de primeiros sintomas, limiar Ct do exame de PCR, variante identificada e CEP do endereço de residência.

Objetivo: Na posse desses dados é possível analisar o padrão espaço-temporal da evolução da disseminação da COVID-19 no município de São Paulo por diferentes variantes, com o objetivo de determinar as regiões de surgimento de variantes de preocupação e estimar os padrões de mobilidade que permitam o espalhamento dessas variantes para diferentes locais.

Método: Os dados das amostras recebidas pela Secretaria de Saúde do Município de São Paulo são processados e completados com os resultados do sequenciamento genético por meio da técnica de PCR, determinando a variante identificada em cada uma dessas amostras. Depois, os dados passam por uma filtragem e correções de entradas, como as datas disponíveis e os CEPs. Em seguida, coordenadas geográficas dentro do município de São Paulo são obtidas, e mapas são construídos para mostrar o espalhamento da doença pelo município e a dominância de uma variante sobre a outra.

Resultados: O espalhamento da doença é visualizado por meio de mapas dinâmicos que permitem acompanhar o surgimento de variantes como a Gamma e a Delta em certas regiões do município, espalhando-se e dominando todo o território depois de um tempo. Com isso, foram identificadas as áreas mais suscetíveis e correlacionadas com os padrões de mobilidade urbana.

Conclusão: A vigilância da emergência e disseminação de variantes de preocupação permite a determinação de pontos-chaves do comportamento viral e humano para determinar os locais mais suscetíveis a surtos e espalhamento de linhagens que são mais transmissíveis. Com isso, é possível estudar estratégias melhores para o combate não apenas da COVID-19, mas de outras doenças com padrões de transmissibilidade semelhantes.

Ag. Financiadora: FAPESP.

Nr. Processo: 2021/11953-5.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2022.102591>

EP-164

HESITAÇÃO À VACINA DA COVID-19: CORRESPONDÊNCIA ENTRE RESPOSTAS DE UM ESTUDO EPIDEMIOLÓGICO E POSTAGENS EM MÍDIA SOCIAL

Sofia Natália Ferreira-Silva,
Maria Eduarda Muniz Soares,

Ricardo Vasconcelos, Carolina Barbieri,
Camila Carvalho Matos, Luiz Fujita Júnior,
Tainah Medeiros Matos, Marcia Couto,
Vivian I. Avelino-Silva

*Faculdade Israelita de Ciências da Saúde Albert
Einstein (FICSAE), São Paulo, SP, Brasil*

Introdução: A hesitação a vacinas é um problema crescente que contribui com a redução das coberturas vacinais no Brasil e no mundo. Estudos sugerem que informações veiculadas em mídias sociais podem influenciar as opiniões sobre a adesão à vacinação.

Objetivo: Utilizamos metodologia mista para explorar a correspondência entre motivos para hesitação à vacina da COVID-19 reportados no Estudo DEBRA e conteúdos de postagens do Twitter, conforme categorias temáticas.

Método: O Estudo DEBRA coletou informações demográficas, dados sobre intenção de vacinação e atitudes/crenças em relação a vacinas no Brasil, utilizando um questionário de auto-preenchimento. Convidamos participantes hesitantes à vacina da COVID-19 a responder em campo aberto sobre suas motivações. Classificamos as respostas em categorias temáticas, e analisamos sua correspondência com postagens do Twitter a fim de explorar relações de sentido entre conteúdos da mídia social e opiniões dos participantes. Postagens do Twitter foram buscadas a partir de palavras-chave ou termos associados (hashtag) a hesitação vacinal, até saturação do tema, identificando o tipo do usuário (nominal/não nominal), gênero (quando possível) e alcance (número de likes/retweets).

Resultados: A maioria das respostas abertas de participantes do estudo DEBRA hesitantes à vacina da COVID-19 foi emitida por homens (11/14). Identificamos cinco categorias temáticas: individualidade; medo de eventos adversos/desconfiança; questões políticas/aversão a determinações do Estado; dúvidas sobre eficácia/naturalismo. Observamos íntima correspondência entre as opiniões dos participantes e os conteúdos de hesitação à vacina da COVID-19 no Twitter. Manifestações do Twitter tiveram perfil predominantemente feminino, à exceção das categorias 'questões políticas/aversão a determinações do Estado' (homens 55,8%) e 'dúvidas sobre eficácia/naturalismo' (homens 100%). Todas as categorias apresentaram perfil majoritariamente nominal. As categorias com maior alcance foram 'individualidade' e 'medo de eventos adversos/desconfiança', com média de likes de 1873,3 e 1864,67 respectivamente, e média de retweets de 402,8 e 488,54 respectivamente.

Conclusão: Informações e desinformações veiculadas em mídias sociais abrangem uma vasta diversidade de temas e possuem correspondência com motivações para a hesitação à vacina da COVID-19 relatadas em um estudo epidemiológico. Mídias sociais podem influenciar diferentes desfechos em saúde de forma positiva ou negativa.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2022.102592>