

para a otimização do uso de ATM em pacientes submetidos a cuidados de terapia intensiva.

Palavras-chave: Gestão de antimicrobianos Unidade de terapia intensiva Antimicrobial Stewardship Visita Multidisciplinar Antimicrobianos

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.102884>

COVID-19

ANÁLISE DO ESQUEMA VACINAL EM PACIENTES INFECTADOS COM A LINHAGEM XBB NA REGIÃO CENTRAL DO RIO GRANDE DO SUL, BRASIL

Bruna Candia Piccoli^{a,*}, Luíza Funck Tessele^a, Bruna Campestrini Casarin^a, Thais Regina y Castro^a, Ana Paula Seerig^b, Andressa de Almeida Vieira^a, Alexandre Vargas Schwarzbald^a, Vitor Telles Santos^a, Priscila de Arruda Trindade^a

^a Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), Santa Maria, RS, Brasil;

^b Vigilância em Saúde, Secretaria Municipal da Saúde de Santa Maria, Santa Maria, RS, Brasil

Introdução: A linhagem recombinante XBB, em circulação no Brasil, evade a imunidade mediada por anticorpos adquiridos pela vacinação ou infecções prévias por SARS-CoV-2 devido a múltiplas mutações no gene S. Indivíduos com esquema vacinal completo permanecem protegidos contra a forma grave, hospitalização e morte por COVID-19. No entanto, aqueles com doses insuficientes ou passados mais de seis meses podem ter proteção reduzida contra o vírus.

Objetivo: Realizar a genotipagem de amostras positivas para SARS-CoV-2 e investigar o esquema vacinal de indivíduos infectados com a linhagem XBB na região central do RS, Brasil.

Métodos: Foram sequenciadas amostras positivas para SARS-CoV-2 de laboratórios públicos e privados da 4ª Coordenadoria Regional de Saúde do RS, das semanas epidemiológicas 47/2022 a 17/2023. As tecnologias MinION ou Illumina iSeq 100 foram empregadas para realizar o sequenciamento no LABIOMIC. Utilizou-se o protocolo de bioinformática ARTIC nCoV-2019 ou Dragen COVID para montar as sequências consenso. Os clados e linhagens foram determinados pelo Nextclade e Pangolin, respectivamente. Os dados epidemiológicos e clínicos dos pacientes infectados com a variante XBB foram obtidos do DATASUS, e-SUS e SIVEP GRIPE.

Resultados e discussão: Das 340 amostras sequenciadas, 89 foram identificadas como XBB ou suas sublinhagens. Em relação à faixa etária, 41,6% com 40-59 anos; 33,7% com +60 anos e se recuperaram da infecção por XBB (97,7%). Apenas três pacientes foram hospitalizados (dois na UTI e um na enfermaria), resultando em dois óbitos. Ambos os pacientes tinham idade ≥ 80 anos, sendo um com esquema vacinal incompleto. Em relação ao esquema vacinal, 41,6% dos indivíduos receberam duas doses da vacina e um reforço, enquanto 27% receberam dois reforços. No entanto, 55% dos indivíduos receberam sua última dose há mais de um ano. Cinco indivíduos não foram vacinados. A capacidade de

neutralização da dose de reforço (Pfizer-BioNTech BNT162b2) é 66 vezes menos eficaz contra a cepa XBB.1.5 em comparação com a cepa WA.1.

Conclusão: A maioria dos pacientes infectados com XBB se recuperou, porém, receberam sua última dose de vacina ou reforço há mais de um ano, indicando possível declínio ou ausência de anticorpos contra o vírus. Portanto, é importante enfatizar a importância de completar o esquema vacinal.

Palavras-chave: Vacinação Variante recombinante COVID-19

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.102885>

ANÁLISE DO MICROBIOMA ORAL EM PACIENTES COM COVID-19

Joyce Vanessa da Silva Fonseca^{a,*}, Nazareno Scaccia^a, Pablo Andres Munoz Torres^a, Lucas Augusto Moyses Franco^a, Cesar Augusto Migliorati^b, Bernal Stewart^{c,d}, Rodrigo Melim Zerbinati^e, Paulo Henrique Braz Da Silva^e, Ester Cerdeira Sabino^a, Silvia Figueiredo Costa^f

^a Departamento de Doenças Infeciosas e Parasitárias, Faculdade de Medicina da Universidade de São Paulo (FMUSP), São Paulo, SP, Brasil;

^b Department of Oral & Maxillofacial Diagnostic Sciences, University of Florida, Gainesville, Estados Unidos;

^c Latin American Oral Health Association (LAOHA), São Paulo, SP, Brasil;

^d Colgate Palmolive Company, Global Technology Center, Piscataway, Estados Unidos;

^e Laboratório de Virologia, Instituto de Medicina Tropical, Faculdade de Medicina da Universidade de São Paulo (FMUSP), São Paulo, SP, Brasil;

^f Divisão de Doenças Infeciosas e Parasitárias, Hospital das Clínicas, Faculdade de Medicina, Universidade de São Paulo (HCFMUSP), São Paulo, SP, Brasil

Introdução: A cavidade oral é um importante local de entrada e multiplicação de vírus respiratórios, o sistema imune e o microbioma oral atuam como barreiras antivirais. As alterações no microbioma oral podem acarretar doenças bucais, desta forma, foi realizado um estudo de coorte prospectiva, conduzido no Hospital das clínicas da FMUSP, com o objetivo de avaliar a prevalência de manifestações orais associadas à COVID-19 e o impacto do microbioma oral na gravidade da doença.

Métodos: As amostras orais foram coletadas de pacientes positivos para SARS-CoV-2. Após a extração das amostras de saliva, foi realizado o sequenciamento do gene 16S rRNA, na plataforma Ion Torrent PGM (Life Technologies, USA). E as análises de diversidade alfa e beta foram conduzidas utilizando o programa R. Dados clínicos foram coletados do prontuário eletrônico. O modelo de regressão logística múltipla fora construído para avaliar a associação entre a diversidade da microbiota e os desfechos de gravidade.

Resultados: O estudo incluiu 125 pacientes, e após análise, 115 amostras foram incluídas. A maioria dos pacientes era do sexo feminino (54,8%), a idade média foi de 55,4 anos. Cerca

de 59,1% dos pacientes estavam em UTIs, 87,2% em uso de antibióticos e 18,3% evoluíram para óbito. Os frequentemente usados foram as cefalosporinas de terceira geração (35,7%), Piperacilina/tazobactam (27%) e Glicopeptídeo (21,7%). Os filos mais abundantes foram Firmicutes, Proteobacteria e Bacteroidetes, representando 86,3%. A análise de diversidade revelou diferenças estatística na gravidade (Shannonp = 0.05), presença de lesões orais (Shannonp = 0.05), uso de antibióticos (Shannonp = 0.04) e oxigenoterapia (Observedp = 0.04). A análise de abundância diferencial identificou táxons específicos relacionados a cada variável, como *Prevotella* em pacientes graves e *Staphylococcus* em indivíduos com lesões orais. A regressão logística multivariável mostrou que a detecção do SARS-CoV-2 na cavidade oral e idade acima de 60 anos foram fatores de risco para a gravidade da doença.

Conclusão: Apesar do pequeno número de participantes com lesões na cavidade oral, diferenças significativas foram encontradas nas comunidades microbianas, principalmente no gênero *Staphylococcus*, comumente encontrado na boca e associado a doenças bucais. Foi observada diferença estatística na diversidade alfa e beta, no gênero *Prevotella*, quando comparado a gravidade dos pacientes. Esses achados podem ser úteis para futura modulação do microbioma.

Palavras-chave: COVID-19 Microbioma Gravidade Lesão oral

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.102886>

ANÁLISE DO PERFIL METABÓLICO E ESTADO NUTRICIONAL DE PACIENTES COM SÍNDROME PÓS-COVID-19 ATENDIDOS EM UMA UNIDADE DE REFERÊNCIA NA AMAZÔNIA BRASILEIRA

Luana Wanessa Cruz Almeida*, Evelen da Cruz Coelho, Pamela de Oliveira Batista, Kárla Larissa Pereira de Oliveira, Amanda Caricio Gomes, Andrio Silva da Silva, Jairisson Augusto Santa Brígida Vasconcelos, Maria Inês Caricchio da Silva, Paula Ruani Farias Barata, Joseane Rodrigues da Silva, Rosana Maria Feio Libonati Bebiano, Paula Cristina Rodrigues Frade, Luísa Caricio Martins

Universidade Federal do Pará (UFPA), Belém, PA, Brasil

Introdução/Objetivo: A Síndrome pós-COVID-19 trata-se de uma doença complexa com sintomas heterogêneos que podem persistir ou aparecer após a fase aguda da infecção. Entre as alterações induzidas nessa síndrome, está a disfunção metabólica, evidenciada através do desequilíbrio de alguns parâmetros laboratoriais como marcadores lipídicos e glicêmicos. Tais alterações podem contribuir para o agravamento do estado nutricional, colaborando com o comprometimento da qualidade de vida desses indivíduos. Dessa forma, o objetivo desse trabalho é analisar o estado nutricional e alteração metabólica em pacientes com Síndrome pós-COVID-19.

Métodos: O estudo foi constituído por adultos, atendidos no Núcleo de Medicina Tropical da Universidade Federal do Pará, residentes na região metropolitana de Belém, que tenham sido COVID-19 diagnosticada por um teste laboratorial positivo e que estivessem a 30 dias ou mais tempo recuperados

após a fase ativa da doença. A coleta de dados foi realizada no período de março de 2022 a abril de 2023, com aplicação de questionário sociodemográfico estruturado com questões relacionadas a saúde, realização de exame bioquímico contemplando as concentrações lipídicas, glicemia de jejum e investigação do estado nutricional. Para as análises dos dados coletados utilizou-se o Excel 2010 para estatística descritiva.

Resultados: A população de estudo totalizou 156 pacientes, a faixa etária mais recorrente foi de 50 a 59 anos (34%), a população foi predominantemente composta pelo sexo feminino (82%), em que houve a maior frequência de indivíduos com ensino médio completo (40%) e renda prevalente foi de 1 a 2 salários-mínimos (44%). Referente ao estado nutricional o índice de massa corporal predominante foi o de pacientes com excesso de peso (72%). Em relação a razão cintura-estatura (82%) dos pacientes obtiveram risco aumentado para doenças cardiometabólicas. Quanto aos exames bioquímicos foi observado níveis aumentados de glicemia (66%) e de triglicérides (51%) entre os participantes do estudo.

Conclusão: Muitos pacientes mesmo após a cura da COVID-19 continuaram a apresentar anormalidade no perfil metabólico, como alteração glicídica, lipídicas e excesso de peso, o que dificulta a reabilitação desses indivíduos. Assim, tais achados reforçam a importância de um acompanhamento nutricional e endócrino nos pacientes após a cura da COVID-19, com intuito de controlar, reverter essas alterações e contribuir para melhora na qualidade de vida.

Palavras-chave: Síndrome Pós-COVID-19 Perfil metabólico Estado Nutricional Belém Amazônia

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.102887>

ANÁLISE DOS CASOS DE SÍNDROME RESPIRATÓRIA AGUDA GRAVE NA FAIXA PEDIÁTRICA SEGUNDO VARIÁVEIS SOCIODEMOGRÁFICAS E FATORES DE RISCO NA REGIÃO SUDESTE SEGUNDO O DESFECHO DE EVOLUÇÃO DO CASO (CURA OU ÓBITO) EM 2021 E 2022: UM ESTUDO TRANSVERSAL

Pedro Henrique Gouveia Siqueira*, Julia Ribeiro da Silva Nunes, Manoella Alves Barbosa, Salvador de Mattos Fortes Neto, Thayna Cristiny Fatima de Cardoso, Ana Raquel Mendes Brito

Universidade Federal do Estado do Rio de Janeiro (UNIRIO), Rio de Janeiro, RJ, Brasil

Introdução/Objetivo: Tendo em vista o impacto da Síndrome Respiratória Aguda Grave (SRAG) na saúde pública, a busca pela caracterização do perfil dos acometidos é essencial para uma melhor identificação dos casos. O presente trabalho objetivou analisar os casos de SRAG na faixa pediátrica na região Sudeste de acordo com variáveis sociodemográficas e fatores de risco, relacionando ao desfecho de evolução dos casos.

Métodos: Realizou-se um estudo transversal, quantitativo e descritivo pela coleta de dados do Sistema de Internação Hospitalar por SRAG em 2021 e 2022 na região Sudeste registrados no DATASUS. Analisaram-se as variáveis