

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 tido 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

sociodemográficas: sexo, idade, raça/cor e distribuição por UF; fatores de risco: diabetes, asma, doença cardiovascular, obesidade, pneumopatias, Síndrome de Down e imunodepressão; classificação final: COVID-19, Influenza, não especificado, outro agente ou outro vírus; e evolução: cura ou óbito. Realizou-se análises descritivas nas análises univariadas, teste qui-quadrado de Pearson para relacionar as faixas etárias com as demais variáveis nas análises bivariadas, e regressão logística nas análises multivariadas, cujo desfecho foi evolução, de modo que foram incluídas as variáveis com p -valor $< 0,20$ da análise bivariada. O nível de significância adotado foi de 5%.

Resultados: A população foi de 1.054.477 pacientes pediátricos hospitalizados com SRAG. Houve maiores chances de óbito nas raças indígena e preta em relação à branca; na faixa etária de 12 anos a menores de 18 anos em relação à faixa etária de menores de 6 meses; nas UF Espírito Santo e Rio de Janeiro em relação à São Paulo; e em todas as variáveis relacionadas a comorbidades, excetuando-se a asma, sendo o diabetes aquela com menor risco aumentado, mas considerada estatisticamente não significativa. Analogamente, encontrou-se como fator de proteção na faixa pediátrica para evolução para óbito os indivíduos asmáticos; nas faixas etárias de 6 meses a menores de 5 anos e de 5 anos a menores de 12 anos em relação aos menores de 6 meses; e na classificação final influenza, quando comparada à Covid-19.

Conclusão: A análise de evolução de casos para cura ou óbito por SRAG na população pediátrica mostrou que esse grupo de infecções se manifestou com particularidades nessa população, levando em conta os fatores de risco e proteção, quando comparadas com a população adulta, principalmente quando aprofunda-se os estudos por trás dos motivadores de cada fator de risco e de proteção.

Palavras-chave: SRAG Covid-19 Faixa pediátrica Evolução

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.102888>

ANÁLISE RETROSPECTIVA DAS MUTAÇÕES NA ORF8 DO SARS-COV-2 NA REGIÃO CENTRAL DO RIO GRANDE DO SUL, BRASIL: IMPLICAÇÕES PARA O PROGNÓSTICO DA COVID-19

Luíza Funck Tessele*, Bruna Candia Piccoli, Thais Regina y castro, Bruna Campestrini Casarin, Andressa de Almeida Vieira, Vitor Telles dos Santos, Alexandre Vargas Schwarzbald, Priscila de Arruda Trindade

Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), Santa Maria, RS, Brasil

Introdução: Algumas proteínas do coronavírus desempenham um papel importante na modulação da imunidade inata do hospedeiro, mas poucos estudos foram conduzidos sobre SARS-CoV-2. Neste estudo, examinamos a proteína viral ORF8, que é capaz de mimetizar a IL-17A causando a tempestade de citocinas e, ainda, é potencial inibidora da via de sinalização do interferon tipo I (IFN-1), um componente chave para a resposta antiviral da imunidade inata do hospedeiro. A Orf8 é uma região genômica hipervariável e pouco conservada

entre os coronavírus, os quais podem persistir sem uma Orf8 funcional. As mutações na Orf8 do SARS-CoV-2 podem ser preditoras do prognóstico da COVID-19. Assim, o paciente pode apresentar diferentes estágios clínicos da COVID-19.

Objetivos: Analisar retrospectivamente as mutações na Orf8 do SARS-CoV-2 circulante na região central do Rio Grande do Sul, Brasil.

Métodos: Foram sequenciadas 1449 amostras positivas para SARS-CoV-2 de laboratórios públicos e privados da 4ª Coordenadoria Regional de Saúde do estado do Rio Grande do Sul das semanas epidemiológicas 26/2021 a 17/2023. O sequenciamento foi realizado pela tecnologia MinION ou Illumina iSeq 100 no LABIOMIC. As sequências consenso foram montadas utilizando o protocolo de bioinformática ARTIC nCoV-2019 ou Dragen COVID. Os clados e linhagens foram determinados pelo Nextclade e Pangolin, respectivamente. As mutações na região da Orf8 foram analisadas na plataforma Nextclade.

Resultados: Das amostras sequenciadas, 75 foram classificadas como Gamma, 293 Delta, 982 Ômicron e 105 recombinantes, destas 67 eram XBB. A mutação E92K foi observada em 97% das sequências Gamma. Todas as Delta possuíam as deleções D119- e D120-. Na Ômicron, 7% das Orf8 possuíam alguma mutação. Foram encontradas as mutações P36L, V62L, E64D, L95F (Delta), V62L, A65S, S67F, F120V, I121L, I121F, T11I (Ômicron) e A65V (XBB). Na literatura, T11I está associada a maior severidade da doença. Já as demais, a uma atenuação dos sintomas da COVID-19. A mutação G8*, que interromperia o processo de transcrição gerando uma proteína truncada, foi observada em 85,6% das XBB. As mutações encontradas aqui, possivelmente abrandaram ou suprimiram os efeitos causados pela ORF8.

Conclusão: Foram encontradas mutações que, hipoteticamente, podem alterar o fenótipo viral e interferir na resposta do hospedeiro. Estudos posteriores são necessários para demonstrar correlação clínica das diferentes evoluções dos casos de covid-19 com essas mutações.

Palavras-chave: COVID-19 ORF8 Mutações

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.102889>

AVALIAÇÃO DA CONCORDÂNCIA ENTRE RT-QPCR E SEQUENCIAMENTO DE GENOMA TOTAL NA IDENTIFICAÇÃO DE VARIANTES DO SARS-COV-2

Bruna Campestrini Casarin*, Viviane Drescher Somavilla, Thais Regins Y Castro, Andressa de Almeida Vieira, Luiza Funck Tessele, Alexandre Vargas Schwarzbald, Priscila de Arruda Trindade

Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), Santa Maria, RS, Brasil

Introdução: A identificação precisa e ágil das variantes circulantes do SARS-CoV-2 é fundamental para uma vigilância epidemiológica eficaz e para direcionar medidas de contenção da disseminação do vírus. Embora o Sequenciamento de Genoma Total (Whole Genome Sequencing - WGS) seja considerado o padrão ouro para a identificação de variantes,