

esquerdo adjacente a brônquio. Crescimento de *Rhizopus* sp em cultura de lavado broncoalveolar, além de RT-PCR para covid-19 positivo em swab nasofaríngeo. Após um mês de tratamento com anfotericina B, paciente mantinha sintomas e lesão cavitada em imagem de tórax, sendo indicado ressecção cirúrgica via toracotomia. Devido ao acometimento de lobos superior e médio, houve indicação de pneumectomia direita. Em 28/10, apresentou insuficiência respiratória aguda hipoxêmica e enfisema subcutâneo, sendo submetido a intubação orotraqueal, por provável fístula de coto brônquico. No mesmo dia evoluiu com parada cardiorrespiratória, sem resposta às medidas de reanimação. O caso evidencia a importância e gravidade da mucormicose pulmonar como diagnóstico diferencial de infecção oportunista em imunossuprimidos. Ainda há um grande subdiagnóstico da doença visto que o diagnóstico microbiológico e histopatológico é de difícil realização. Quando suspeitada, faz-se necessária intervenção urgente visto que a mortalidade associada a mucormicose mantém-se elevada mesmo com tratamento adequado.

Palavras-chave: Mucormicose Transplante renal *Rhizopus*

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103258>

NIRMATRELVIR/RITONAVIR (NIRI) EM PACIENTES COM COVID-19 E MALIGNIDADES HEMATOLÓGICAS: RELATO DO EPICOVIDEHA (REGISTRO INTERNACIONAL ONLINE DE PACIENTES COM MALIGNIDADES HEMATOLÓGICAS, INFECTADOS POR SARS-COV-2)

Jon Salmanton-García^{a,*}, Francesco Marchesi^b, Livio Pagano^c, Oliver A. Cornely^a

^a University Hospital Cologne, Colônia, Alemanha;

^b Istituto Nazionale Tumori Regina Elena di Roma, Roma, Itália;

^c Fondazione Policlinico Universitario Agostino Gemelli IRCCS, Roma, Itália

Introdução: O tratamento com NIRI diminui a taxa de hospitalização em pacientes imunocompetentes com COVID-19, mas os dados sobre a eficácia em pacientes com malignidade hematológica (MH) são escassos. Descrevemos o resultado do tratamento com NIRI em uma grande coorte de pacientes onco-hematológicos.

Métodos: Este é um estudo de coorte retrospectivo do registro multicêntrico EPICOVIDEHA em pacientes com MH que foram diagnosticados com COVID-19 em 2022. Os pacientes que receberam nirmatrelvir/ritonavir foram comparados com aqueles que não receberam. Uma regressão logística foi executada para determinar os fatores associados à administração de nirmatrelvir/ritonavir em nossa amostra. Além disso, uma regressão de Cox foi modelada para detectar fatores associados à mortalidade.

Resultados: Um total de 1859 registros de pacientes foi analisado, sendo 117 (6%) tratados com nirmatrelvir/ritonavir e 1742 (94%) tratados de outra forma. Dos 117 pacientes que receberam nirmatrelvir/ritonavir, 80% haviam recebido ≥ 1 dose de vacina anti-SARS-CoV-2 antes do início da COVID-19

contra 74% em pacientes sem nirmatrelvir/ritonavir ($p=0,003$). Os pacientes que receberam nirmatrelvir/ritonavir tinham maior probabilidade de ter recebido um segundo reforço da vacina do que os pacientes que não receberam (13% versus 7%; $p=0,04$), 5% foram admitidos na UTI, menos do que os pacientes que não receberam nirmatrelvir/ritonavir (12%; $p=0,021$). O tratamento com nirmatrelvir/ritonavir foi associado à presença de sintomas extrapulmonares no início da COVID-19, como, por exemplo, anosmia, febre, rinite ou sinusite (aOR 2,509, IC95% 1,448-4,347) e segundo reforço da vacina (aOR 3,624, IC95% 1,619-8,109). Doença pulmonar crônica (aOR 0,261, IC95% 0,093-0,732) e obesidade (aOR 0,105, IC95% 0,014-0,776) não foram associadas ao uso de nirmatrelvir/ritonavir. A taxa de mortalidade geral foi de 11% e a mortalidade atribuível à COVID-19 foi de 9%. Em pacientes tratados com nirmatrelvir/ritonavir, a taxa de mortalidade foi de 7%, significativamente mais baixa do que em pacientes com SARS-CoV-2 que receberam tratamento diferente de nirmatrelvir/ritonavir (15%; $p=0,023$). Não foi observado nenhum outro fator que explicasse a diferença de mortalidade.

Conclusões: Pacientes com MH tiveram maior probabilidade de receber nirmatrelvir/ritonavir ao relatar sintomas extrapulmonares ou o segundo reforço da vacina no início da COVID-19 em oposição à doença pulmonar crônica e à obesidade. A taxa de mortalidade em pa

Palavras-chave: Nirmatrelvir/Ritonavir Neoplasias hematológicas COVID-19 SARS-CoV-2

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103259>

O DESEMPENHO DA IMUNOTERAPIA NA DIMINUIÇÃO DE DOENÇAS INFECCIOSAS EM PACIENTES ONCOLÓGICOS

Jeferson Manoel Teixeira^{a,*}, Sandra Bernardina Cardozo García^b, Thamires Silva da Costa^a, Ariane Martins Mota^c, Estrela Cecília Moreira de Holanda Farias^c, Larissa Ribeiro Dias Martins^d, Aldo Artemio Torres^b, José Carlos Samudio Cáceres^b

^a Universidad Abierta Interamericana (UAI), Buenos Aires, Argentina;

^b Hospital Regional de Ciudad del Este- Pabellón Oncológico Bilal Esgaib, Ciudad del Este, Paraguai;

^c Universidade Nilton Lins, Manaus, AM, Brasil;

^d Universidad de Buenos Aires (UBA), Buenos Aires, Argentina

Introdução/Objetivos: Historicamente, a quimioterapia tem sido a única opção viável de tratamento sistêmico para doenças precoces e avançadas. A imunoterapia é um tratamento com menor impacto na qualidade de vida do paciente, pois os efeitos colaterais costumam ser menores do que os da quimioterapia convencional. A infectologia, imunologia e oncologia, andam de mãos dadas, a ponto da imunoterapia ter crescido exponencialmente, pois no caso da eficácia na primeira fase do tratamento do tumor por imunoterapia, a sobrevida do paciente pode ser três vezes maior. O objetivo foi avaliar a tolerância clínica e as diferenças entre a prevalência das infecções mais recorrentes em pacientes

oncológicos submetidos a quimioterapia, imunoterapia, quimioterapia associada à imunoterapia e aqueles submetidos a cirurgias oncológicas.

Métodos: Estudo observacional retrospectivo. Os dados foram coletados a partir dos prontuários de 200 pacientes oncológicos atendidos no Pavilhão de Oncologia do Hospital Regional de Ciudad del Leste (Paraguai), no período de um ano. Sendo a quimioterapia, a imunoterapia, a quimioterapia associada à imunoterapia e a cirurgia oncológica, os recursos terapêuticos. Pesquisa autorizada pelo Comitê de Ética.

Resultados: No que diz respeito aos quadros infecciosos dos pacientes avaliados pelo recurso terapêutico de imunoterapia, quimioterapia associada a imunoterapia e quimioterapia, essa foi a ordem com menor prevalência de infecções, respectivamente. No estudo foi identificada presença frequente de infecções durante o tratamento quimioterápico e após cirurgias oncológicas. No decurso da quimioterapia foi observado maior prevalência de infecções nas vias aéreas superiores e inferiores. No pós cirúrgico dos pacientes oncológicos infecções de partes moles foram dominantes. Em ambas havia recorrência clínica para o tratamento de recidiva de infecções e intolerância clínica. Em relação ao tratamento com imunoterapia houveram menos quadros infecciosos e foi o modelo que apresentou melhor tolerância clínica, comparado com os demais.

Conclusão: Os resultados obtidos pelo estudo clínico demonstram a animadora perspectiva ao redor desse recurso no combate ao câncer, visto que a imunoterapia constitui um método terapêutico de bastante eficiência, podendo aumentar a sobrevida do paciente e contribuindo para uma menor recidiva e prevalência dos quadros infecciosos e maior tolerância clínica, corroborando com o objetivo da pesquisa.

Palavras-chave: Infectologia e Oncologia Imunoterapia Qualidade de Vida Câncer

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103260>

OTIMIZAÇÃO DA TÉCNICA DE SEQUENCIAMENTO DE SANGER DE REGIÕES DO GENE UL97 PARA IDENTIFICAÇÃO DE MUTAÇÕES DE RESISTÊNCIA DO CITOMEGALOVÍRUS ASSOCIADAS AO TRATAMENTO COM GANCICLOVIR

Anna Caroline Avila da Rocha^{a,*},
Alessandra Helena da Silva Hellwig^b,
Dariane Castro Pereira^c,
Fabiana Caroline Zempulski Volpato^d,
Grazielle Motta Rodrigues^e,
Vladimir Vicente Cantarelli^a, Afonso Luís Barth^d,
Fernanda de-Paris^f

^a Universidade Federal de Ciências da Saúde de Porto Alegre (UFCSA), Porto Alegre, RS, Brasil;

^b Residência Multidisciplinar em Área Profissional, Hospital de Clínicas de Porto Alegre (HCPA), Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS), Porto Alegre, RS, Brasil;

^c Serviço de Diagnóstico Laboratorial, Unidade de

Microbiologia e Biologia Molecular, Hospital de Clínicas de

Porto Alegre (HCPA), Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS), Porto Alegre, RS, Brasil;

^d Laboratório de Pesquisa em Resistência Bacteriana, Hospital de Clínicas de Porto Alegre (HCPA), Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS), Porto Alegre, RS, Brasil;

^e Programa de Pós-Graduação em Ciências Médicas, Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS), Porto Alegre, RS, Brasil;

^f Serviço de Diagnóstico Laboratorial, Unidade de Imunologia de Transplante e Medicina Personalizada, Hospital de Clínicas de Porto Alegre (HCPA), Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS), Porto Alegre, RS, Brasil

Introdução/Objetivo: A DNAemia do citomegalovírus humano (HCMV) continua a ser um desafio em pacientes transplantados. Particularmente preocupante é o surgimento de cepas com mutações, frequentemente localizadas no gene UL97, que ocasionam resistência a antivirais de primeira linha, como ganciclovir (GCV). Estudos com foco na resistência do HCMV são limitados, tornando os dados sobre a prevalência escassos. Nesse sentido, nosso objetivo é a otimização do sequenciamento de Sanger para identificação de mutações no gene UL97 do HCMV que conferem resistência ao tratamento com GCV.

Métodos: A detecção da carga viral de HCMV no plasma foi realizada por RT-qPCR pelo ensaio Alinity m CMV. Amostras positivas com carga viral de HCMV acima de 3000 cópias/mL foram submetidas à extração de DNA viral seguida por Nested-PCR. A amplificação do produto obtido foi confirmada por eletroforese em gel de agarose. O produto foi purificado usando a enzima ExoSAP-IT PCR Product Cleanup e sequenciado. As sequências obtidas foram alinhadas com a sequência de referência NC_006273.2 (cepa Merlin) através do software Unipro UGENE, v.47.0, e analisadas quanto à presença ou ausência de mutações que causam resistência ao GCV.

Resultados: O estudo está em andamento; até o momento, 10 das 25 amostras coletadas de pacientes transplantados foram sequenciadas. Dessas, nove amostras eram de pacientes transplantados de órgãos sólidos (renal, hepático e cardíaco) e uma de paciente transplantado de medula óssea. Na análise dos sequenciamentos, foram identificadas mutações em duas amostras distintas: a mutação P509L (originada pela troca nucleotídica C143323T) e a D605E (originada pela troca nucleotídica C143612G).

Conclusão: Embora a alteração identificada como P509L apresente fenótipo desconhecido e a mutação D605E trate-se de um polimorfismo viral que não possui evidências na literatura de causar resistência ao tratamento de GCV, através da utilização da técnica de sequenciamento de Sanger foi possível analisar as sequências nucleotídicas do fragmento que contém as principais alterações relacionadas com resistência antiviral. Assim, é possível obter informações importantes para a compreensão dos padrões mutacionais das cepas de HCMV associadas ao GCV e