

Farias, Cibelle Soares Saturnino,
Priscila Maia Souza de Carvalho,
Clênia Vanuza Cavalcanti de Siqueira,
Tiago Luiz Lagedo Ferraz,
Millena Raphaela da Silva Pinheiro

Real Hospital Português, Recife, PE, Brasil

Introdução/objetivo: A OMS considera o aumento da resistência antimicrobiana uma preocupação global, estimando que será a principal causa de óbito em 2050. Com as prescrições inapropriadas de antibióticos na pandemia é previsto uma piora dessa problemática, anulando alguns progressos alcançados por alguns países. O Real Hospital Português, localizado em Recife, é o maior centro hospitalar do norte-nordeste e referência para atendimento de pessoas com COVID-19. O Serviço de Controle de Infecção Hospitalar (SCIH) realiza intervenções para prevenção de infecções e diminuição do impacto do uso indiscriminado de antibióticos. O objetivo do trabalho é comparar dados clínicos e demográficos, prescrição de antimicrobianos, agentes isolados e perfil de resistência nos meses de maior número de internamento por COVID-19 de 2020 e 2021 nas UTIs após realização das ações do SCIH para o uso racional de antimicrobianos.

Métodos: Análise de 410 prontuários e planilhas de acompanhamento de pacientes com COVID-19 para controle de isolamento, infecções, resultados de culturas e prescrição de antimicrobianos.

Resultados: Em 2020 e 2021, maio foi o mês com maior número de admissões, 189 e 221 respectivamente. O sexo masculino foi mais prevalente em ambos (60% e 63%). 36% (68) dos internamentos em UTI em 2020 e 11% (25) em 2021 tinham mais de 75 anos. O número de antimicrobianos prescritos entre 2020/2021, caiu de uma média 3 antibióticos/paciente para 1,9 e os que não receberam antimicrobianos passaram de 10,5% (20) para 23% (57) com redução de 32% no DDD/meropenem. O número de esquemas de antimicrobianos prescritos por paciente caiu de 2,2 para 1,6. Nos 2 anos, *Candida sp* foi o principal agente em hemoculturas, seguida por *Staphylococcus aureus*, em 3º *Pseudomonas aeruginosa* (2020) e *Klebsiella pneumoniae* (2021). Nos aspirados traqueais as mais frequentes foram *Pseudomonas aeruginosa*, *Stenotrophomonas maltophilia* e *Acinetobacter baumannii* em 2020. *Pseudomonas aeruginosa*, *Staphylococcus aureus* e *Klebsiella pneumoniae* em 2021. Melhorou a sensibilidade da *Pseudomonas aeruginosa* e *Klebsiella pneumoniae* em relação ao meropenem, 57% para 79% e 62% para 71%, respectivamente. Já o *Acinetobacter baumannii* a sensibilidade ao meropenem teve uma queda de 25% para 0%, mas 100% de sensibilidade à colistina.

Conclusão: As intervenções do SCIH aliadas ao maior conhecimento da COVID-19 reduziram a prescrição de antimicrobianos, melhorando o perfil de sensibilidade aos carbapenêmicos.

PI 086

SUSCETIBILIDADE DE POLIMORFISMOS GENÉTICOS A TROMBOFILIA E SEU PAPEL NA COVID-19

Marcos Henrique Damasceno Cantanhede^a,
Kevin Matheus de Lima Sarges^a,
Mauro de Meira Leite^a, Fábio Miyajima^b,
Eduardo José Melo dos Santos^a

^a Universidade Federal do Pará, Belém, PA, Brasil

^b Fundação Oswaldo Cruz - Ceará, Eusébio, CE, Brasil

Introdução/Objetivos: O SARS-CoV-2 (Síndrome Respiratória Aguda Grave Coronavírus 2, do inglês, Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus) é o responsável por causar a Doença do Coronavírus 2019, do inglês Coronavirus Disease 2019 ou COVID-19. Inicialmente eram conhecidos apenas os sintomas relacionados a eventos respiratórios, como a pneumonia, mas descobriu que é possível causar sintomas tromboembólicos, sendo esse um dos principais agravantes em infectados pelo novo coronavírus. O objetivo desse estudo é correlacionar as frequências de polimorfismos conhecidos tromboembólicos com Taxa de Mortalidade Diária (DDR) e a Taxa de Letalidade (CFR).

Metodologia: Foi realizado uma análise abrangente em diversos bancos de dados, como o ENSEMBL e o OMIM, e uma revisão bibliográfica, afim de identificar os polimorfismos conhecidos tromboembólicos e as suas frequências médias em 208 países ao redor do mundo e correlacionar as taxas de mortalidades estimadas de COVID-19 pelos testes de Correlação Linear de Spearman e Mann-Whitney. Estas taxas foram a média de mortes diárias por milhão de habitantes (DDR) e taxa de fatalidade por casos (CFR número de mortes dividido pelo número de casos confirmados). Correção para múltiplos foi aplicada.

Resultados: Foram identificados 18 polimorfismos (SNPs) em 16 genes conhecidos associados com tromboembolismo. Destes, 8 polimorfismos em 8 genes mostraram-se estatisticamente correlacionados a DDR de COVID-19, sendo que 6 deles apresentaram uma correlação positiva (rs6048 gene F9; rs7080536, gene HBP2; rs1801133, gene MTHFR, rs5985, gene F13A; rs6025, gene F5; rs 1799963, gene F2) com a DDR e 2 uma correlação negativa (rs6050, gene FGA; rs2066865, gene FGG), podendo indicar que esses polimorfismos tenham uma ação importante na mortalidade causada pelo SARS-CoV-2.

Conclusão: Os achados do presente trabalho indicam que há polimorfismos que podem estar relacionados a taxa de mortalidade da COVID-19. Portanto, esse estudo serve de orientação para futuros estudos, pois esses polimorfismos encontrados nesta meta-análise in silico podem servir de base para estudos caso-controle.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2021.102081>

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2021.102082>