

fadiga (60%, n=771) e dificuldade de concentração (55%, n = 705). Os preditores de COVID longa foram sexo feminino ( $p < 0,001$ ; OR2,33), número de infecções ( $p < 0,001$ ; OR 2,20), gravidade da doença ( $p = 0,01$ ; OR2,04) e presença de comorbidades ( $p < 0,001$ ; OR 1,60, 1 comorbidade;  $p = 0,001$ ; OR 2,02, 2 comorbidades e  $p = 0,001$ ; OR 3,29, 3 ou mais comorbidades). O grau de imunização no momento da infecção demonstrou ser protetora nos vacinados com 1dose ( $p = 0,034$ ; OR 0,51), 2 doses ( $p = 0,002$ ; OR0,55); 2 doses e 1 reforço ( $p = 0,001$ ; OR0,57) e 2 doses e 2 reforços ( $p < 0,001$ ; OR0,30).

**Conclusão:** a prevalência de COVID longa foi elevada. Sexo feminino, gravidade da COVID-19, número de infecções e presença de comorbidades foram associadas com maior risco. O grau de imunização no momento da infecção aguda mostrou-se protetor

**Palavras-chave:** COVID longa COVID-19 fator de proteção fator de proteção vacina

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.102899>

#### CAPACIDADE PREDITIVA DO MODELO RANDOM FOREST PARA ÓBITO EM PACIENTES COM COVID-19: UMA ANÁLISE DE DADOS NO CONTEXTO DA PANDEMIA

Victor Hugo Ovani Marchetti\*,  
Maria Eugênia Pedruzzi Dalmaschio,  
Tatiani Bellettini dos Santos, Eduardo Toffoli Pandini

Centro Universitário do Espírito Santo (UNESC), Colatina,  
ES, Brasil

O uso do machine learning foi impulsionado pela pandemia de COVID-19 para enfrentar desafios na saúde pública, auxiliando na detecção de casos, grupos de risco e desenvolvimento de modelos preditivos, fornecendo informações valiosas para controlar e prevenir a propagação da doença. O objetivo desse estudo é avaliar a capacidade preditiva de um modelo randomForest acerca do óbito em pacientes com diagnóstico confirmado para Covid-19. Este é um estudo transversal que utilizou dados de casos notificados no E-SUS VS do Espírito Santo de janeiro de 2020 a outubro de 2022. Foi criado um modelo Random Forest usando 70% dos dados para treinamento, com downsampling da classe majoritária. As previsões foram feitas no conjunto de teste e avaliadas usando tabela  $2 \times 2$ . O estudo fornece informações sobre as características associadas ao óbito e a capacidade do modelo de prever corretamente esses casos. No estudo, 111.024 pacientes foram randomizados para o grupo teste e 259.053 para o grupo treino, sendo reduzido para 7.766 após downsampling. As previsões do modelo resultaram em 90.644 verdadeiros negativos e 1.389 verdadeiros positivos, com 294 falsos positivos e 18.690 falsos negativos. A sensibilidade do modelo foi de 82,5%, indicando sua capacidade de identificar corretamente os casos de óbito. A especificidade foi de 82,9%, evidenciando a habilidade de classificar corretamente os casos de não óbito. A acurácia geral do modelo foi de 83,9%. O valor preditivo positivo foi de 6,9%, o que significa que das previsões de óbito, apenas 6,9% eram corretas. Por outro lado, o valor preditivo negativo foi de 99,7%, indicando a alta precisão das previsões de não óbito. Esses resultados

demonstram um desempenho satisfatório do modelo na identificação precisa dos casos de óbito, com alta especificidade e acurácia geral. O modelo identificou corretamente dos casos de óbito, com sensibilidade de 82,5% e especificidade de 82,9%. A acurácia geral do modelo foi de 83,9%, indicando um desempenho consistente na classificação geral dos pacientes. No entanto, o valor preditivo positivo foi baixo, indicando que uma proporção relativamente pequena das previsões de óbito foi realmente correta, principalmente devido à baixa proporção de óbitos na amostra. O valor preditivo negativo foi alto, o que demonstra a confiabilidade das previsões de não óbito. Embora o modelo seja importante na identificação de casos de óbito, é necessário melhorar sua precisão na previsão dos casos positivos.

**Palavras-chave:** COVID-19 Aprendizado de Máquina Supervisionado Saúde Pública

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.102900>

#### CARACTERIZAÇÃO DE EVENTOS ADVERSOS ASSOCIADOS À VACINAÇÃO CONTRA A COVID-19 EM UM HOSPITAL TERCIÁRIO NO BRASIL

Andressa Muzzo de Souza<sup>a,\*</sup>, Flávia Queiroz<sup>b</sup>,  
Taiza Maschio de Lima<sup>b</sup>, Lina de Moura Mendes<sup>b</sup>,  
Alana Augusta de Menezes<sup>b</sup>, Letícia Olmos Pelegrini<sup>b</sup>,  
Maria Lúcia Machado Salomão<sup>a</sup>,  
Márcia Wakai Catelan<sup>b</sup>

<sup>a</sup> Faculdade de Medicina de São José do Rio Preto (FAMERP),  
São José do Rio Preto, SP, Brasil;

<sup>b</sup> Fundação Faculdade Regional de Medicina de São José do  
Rio Preto (FUNFARME), São José do Rio Preto, SP, Brasil

**Introdução/Objetivo:** As vacinas são uma escolha eficaz para o controle de doenças infecciosas, sendo primordial na contenção da pandemia da COVID-19. As vacinas são produtos seguros, porém, não são isentas de eventos adversos. De correndo, assim, na importância de uma avaliação de causalidade de Eventos Supostamente Atribuíveis à Vacinação (ESAVI) com qualquer ocorrência médica indesejada após a vacinação. O estudo possui por objetivo caracterizar os casos de ESAVI contra a COVID-19 quanto à gravidade, à causalidade e as manifestações clínicas.

**Métodos:** Este estudo de coorte retrospectivo foi realizado a partir de casos de ESAVI contra a COVID-19 atendidos no Hospital de Base de São José do Rio Preto entre janeiro de 2021 e julho de 2022. Os dados secundários foram coletados do prontuário eletrônico e do Sistema VacíVida pertinentes as investigações e notificações dos casos.

**Resultados:** Foram analisados 728 casos de ESAVI, sendo 554 (76,10%) em pessoas com idade entre 20 e 59 anos, incidindo mais sobre as mulheres (72,80%). O tempo entre a vacinação e o início de sintomas teve mediana de dois dias, com 290 notificações associada à primeira dose adicional da vacina Pfizer. Segundo a classificação, 262 (35,99%) foram classificados como evento adverso grave por necessitar de hospitalização e, desses, 48 (6,59%) foram óbitos em período temporalmente associado à vacinação. Os casos não graves corresponderam a 64,01% das notificações. Quanto às

manifestações clínicas, foram mais relacionadas aos sistemas: neurológico (269 - 60,03%) respiratório (279 - 38,32%), gastrointestinal (269 - 36,95%), tegumentar (128 - 17,58%) e cardiovascular (32 - 4,44%). Do total de casos notificados, 177 (24,31%) foram avaliados e encerrados pelo Centro de Vigilância Epidemiológica de São Paulo. Dentre os não graves, 45 (9,6%) eram reações inerentes a vacina e 3 (0,64%) casos tiveram relação temporal. Em relação aos casos graves, 10 (3,82%) foram classificados com relação temporal consistente, mas sem evidências na literatura. Todos os óbitos investigados foram descartados com relação à causalidade.

**Conclusão:** Este estudo, desenvolvido com dados secundários de um complexo de saúde, não pode ser generalizado para outros serviços. Contudo, considerando os casos encerrados, nota-se que embora haja ocorrência de eventos adversos após a vacina, grande parte dos casos estão associados às reações não graves inerentes ao produto consistentes na literatura.

**Palavras-chave:** Eventos adversos Vacinação Vacinas contra COVID-19

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.102901>

#### CARACTERIZAÇÃO GENÔMICA DE LINHAGENS DO SARS-COV-2 CIRCULANTES NA REGIÃO DO RECÔNCAVO DA BAHIA, BRASIL, EM 2022

Jeiza Botelho Leal Reis\*,  
Sibele de Oliveira Tozetto Klein,  
Isabella de Matos Mendes da Silva,  
Rebeca da Luz Vitória, Fernando Vicentini,  
Jorge Sadao Nihei, Flaviane Santos de Souza,  
Hermes Pedreira da Silva Filho

Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (UFRB), Cruz das Almas, BA, Brasil

**Introdução:** As alterações de um genoma viral, como do SARS-CoV-2, podem desencadear a geração de diferentes variantes virais. Tais variantes podem, por exemplo, apresentar alterações na infectividade e resultar em diferentes espectros de desfechos da doença, de leve a grave e inclusive o óbito.

**Objetivo:** Caracterizar geneticamente as linhagens de SARS-CoV-2 circulantes na região do Recôncavo da Bahia, em 2022.

**Métodos:** As amostras nasofaríngeas de pessoas com sintomas gripais foram coletadas e confirmadas no diagnóstico da COVID-19, por RT-qPCR. Foram sequenciadas 32 amostras. O critério de inclusão para o sequenciamento foi considerado as amostras positivas com ciclo de limiar (Ct) abaixo de 30. As bibliotecas foram preparadas usando o COVIDSeq Test (Illumina, Cat. n° 20043675 e 20043137) com o conjunto de primers ARTIC V4. O sequenciamento paired-end foi realizado com Illumina MiSeq (Illumina, Cat. no. SY-410-1003) com um comprimento de leitura de 150 pb. Os arquivos FASTQ foram submetidos ao pipeline com pequenas modificações. A montagem foi realizada por Burrows-Wheeler Aligner (BWA) v.0.7.17 usando o número de acesso NCBI GenBank. MN908947.3 como a referência do genoma.

**Resultados:** Todas as linhagens observadas foram derivadas da VOC Omicron GRA (B.1.1.529+BA.\*). Das 32 amostras de

RNA viral sequenciadas, 21 foram de mulheres e 11 homens. Nas amostras deste estudo observou-se a presença de 17 linhagens, com a seguinte distribuição: em fevereiro BA.1 (33,3%; 1/3), BA.1.1 (33,3%; 1/3) e BA.1.5 (33,3%; 1/3), em maio BA.2 (100,0%; 2/2), em junho BA.2 (14,3%; 1/7), BA.4 (28,6%; 2/7), BA.4.1 (28,5%; 2/7), BA.5.1 (14,3%; 1/7) e BA.5.2.1 (14,3%; 1/7), em novembro XBB.3 (7,7%; 1/13), BQ.1.1 (30,8%; 4/13), BQ.1.1.16 (7,7%; 1/13), BQ.1.1.28 (23,0%; 2/13), BQ.1.1.31 (7,7%; 1/13), BQ.1.2 (7,7%; 1/13), BQ.1.23 (7,7%; 1/13), BE.10 (7,7%; 1/13) e em dezembro BQ.1.1 (57,1%; 4/7), BQ.1.23 (28,6%; 2/7) e DL.1 (14,3%; 1/7). Observou-se que a maior variabilidade genômica ocorreu nos meses de junho e novembro de 2022, coincidindo com um número elevado na circulação de pessoas, devido às festividades juninas e período eleitoral.

**Conclusão:** Este estudo demonstra a grande variedade de linhagens virais circulantes no Recôncavo da Bahia, durante 2022. Ressalta-se a importância do monitoramento e vigilância da COVID-19, pois a disseminação do vírus pode desencadear o surgimento de novas variantes, o que pode inferir em agravamentos da doença.

**Palavras-chave:** SARS-CoV-2 linhagens Recôncavo da Bahia Variabilidade genômica

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.102902>

#### CARACTERÍSTICAS CLÍNICAS E FATORES ASSOCIADOS À INTERNAÇÃO HOSPITALAR ENTRE PACIENTES COM COVID-19 ATENDIDOS PELO SERVIÇO DE TELEASSISTÊNCIA DO MUNICÍPIO DE DIVINÓPOLIS, MINAS GERAIS

Gustavo Machado Rocha<sup>a,\*</sup>, Aline Carrilho Menezes<sup>a</sup>,  
Clareci Silva Cardoso<sup>a</sup>, Ana Flávia Avelar Maia Seixas<sup>a</sup>,  
Mayara Santos Mendes<sup>b</sup>

<sup>a</sup> Universidade Federal de São João del-Rei (UFSJ), São João del-Rei, MG, Brasil;

<sup>b</sup> Centro de Telessaúde, Hospital das Clínicas da Universidade Federal de Minas Gerais (HC-UFMG), Belo Horizonte, MG, Brasil

**Introdução/Objetivo:** A pandemia de COVID-19 trouxe sobrecarga nas unidades de saúde, exigindo uma reorganização dos modelos assistenciais, com a incorporação da tele-saúde como aliada no seu enfrentamento. O objetivo deste estudo foi descrever as características clínicas e os fatores associados à necessidade de internação hospitalar entre os pacientes atendidos pelo Serviço de Teleassistência e Telemonitoramento de casos suspeitos de COVID-19 (TeleCOVID) do município de Divinópolis, MG.

**Métodos:** Trata-se de estudo retrospectivo com amostra obtida por meio de registros eletrônicos de pacientes adultos com sintomas respiratórios agudos atendidos pelo TeleCOVID-Divinópolis, no período de maio de 2020 a dezembro de 2021. Adicionalmente, foram avaliadas as informações de internação hospitalar registradas no Sistema de Informação da Vigilância Epidemiológica da Gripe do município. Foi avaliada a associação entre as variáveis sociodemográficas e clínicas com a internação hospitalar por meio da estimativa