difficile, pelo método de quimioluminescência, em amostras de fezes. O trabalho foi aprovado pelo Comitê de Ética e Pesquisa.

Resultados: no período pré-pandemia foram realizados 108 testes, com 5 (4,6%) positivos, com densidade de incidência de 156,5 testes por 1.000 pacientes-dia. No período de pandemia foram realizados 607 testes, sendo 42 (6,9%) positivos e densidade de incidência de 288,3 testes por 1.000 pacientes-dia. Embora o número de pacientes internados nas UTI's tenha triplicado na pandemia, a densidade de incidência de solicitações de toxinas A e B para C. difficile aumentou em quase duas vezes no período de pandemia, reflexo do uso aumentado de antimicrobianos, que ocorreu no período pandêmico nesse hospital.

Conclusão: este estudo evidenciou o impacto da pandemia no aumento de infecções por C. difficile e a necessidade de políticas para o uso racional de antimicrobianos como medida preventiva para colite pseudomembranosa.

Palavras-chave: Clostridioides difficile Antimicrobianos Unidades de Terapia Intensiva COVID-19

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.102927

INTERPOLAÇÃO POLINOMIAL: UMA FERRAMENTA DE BAIXA COMPLEXIDADE PARA ANALISAR A ACELERAÇÃO DE CURVAS EPIDÊMICAS

Matheus Gomes Reis Costa*, Lívia Almeida da Cruz, Davi Félix Martins Junior, Airandes de Sousa Pinto

Universidade Estadual de Feira de Santana (UEFS), Feira de Santa, BA, Brasil

Introdução/Objetivo: Os modelos matemáticos proporcionaram aplicações de medidas para epidemia em momentos determinados tornando-as mais eficazes. Com isso, o intuito desse estudo é apresentar uma ferramenta alternativa para analisar a aceleração das curvas epidêmicas.

Metodologia: A curva epidêmica pode ser obtida para casos novos através de modelagem matemática utilizando o método de interpolação polinomial. Os gráficos de casos ao longo da série foram obtidos pelo software Matlab (MathWorks, Matlab R2008a, Natick, Massachusetts, EUA). Posteriormente, o polinômio foi automaticamente gerado com o grau e coeficientes que permitiu o melhor ajuste possível aos dados de casos diários, sendo que o grau máximo foi limitado a 8. A aceleração instantânea foi obtida pela primeira derivada do polinômio, sendo identificado o ponto de aceleração máxima na fase ascendente da curva. Na fase descendente da curva epidemiológica, foi considerado o valor absoluto da aceleração negativa, chamada de desaceleração. Para demonstração da ferramenta utilizou-se os dados dos casos novos por COVID-19 do Brasil e Alemanha, os quais foram coletados por meio do site http://www.worldometer.com/coronavirus de 15 de fevereiro a 18 de maio de 2020 (dia 1 a 94). Por se tratar de um banco de dados secundários, não foi necessário submeter o projeto ao Comitê de Ética em Pesquisa.

Resultados: A fase de aceleração dos casos novos não é constante, a aceleração do COVID-19 atinge um valor máximo e depois diminui para zero, ponto em que a curva atinge o pico. Assim, observamos uma primeira fase em que ocorre aumento concomitante de números de casos e aceleração, e uma segunda fase, em que novos casos continuam a aumentar; no entanto, ocorre uma diminuição na aceleração e chega a zero no pico de novos casos. Na fase de desaceleração, a aceleração passa a apresentar sinal negativo, indicando uma mudança na direção dos dados; após o pico, os números começam a diminuir. A fase de desaceleração também não é uniforme; a primeira fase apresenta uma diminuição dos números que está associada a uma aceleração cada vez mais negativa, e uma segunda fase em que os casos novos continuam a diminuir e a aceleração volta a zero. A segunda fase indica o fim da epidemia.

Conclusão: A interpolação polinomial é capaz de calcular a aceleração das curvas epidemiológicas, nesse sentido conhecendo o estágio da epidemia e auxiliando nas medidas de combate.

Palavras-chave: Modelagem Matemática SARS-CoV-2 Epidemiologia

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.102928

MODULAÇÃO TRANSCRICIONAL DE GENES ASSOCIADOS AO SISTEMA ANTIOXIDANTE EM PACIENTES COM COVID-19: IMPACTO POTENCIAL NO SISTEMA NERVOSO CENTRAL

Bruna Candia Piccoli*, Luiza Funck Tessele, Alexandre Vargas Schwarzbold, Priscila de Arruda Trindade

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

Introdução: O SARS-CoV-2 é capaz de infectar as células do sistema nervoso central (SNC), promovendo estresse oxidativo e inflamação. Múltiplas manifestações neurológicas como cefaléia, confusão mental, fadiga, anosmia e ageusia tem sido descritas. O mecanismo pelo qual o SARS-CoV-2 causa estas manifestações, ainda não está estabelecido. Neste sentido, o transcriptoma de indivíduos com COVID-19 pode indicar modulação transcricional que, no futuro, pode ser utilizada como biomarcador de alterações clínicas.

Objetivos: Investigar a modulação transcricional de genes associados ao sistema antioxidante endógeno (KEGG N00243) no córtex pré-frontal de pacientes com COVID-19.

Métodos: Utilizamos dois bioprojetos (PRJNA755712 e PRJNA755713), disponíveis no NCBI, de autópsias de córtex pré-frontal de indivíduos infectados e não infectados, totalizando 10 transcriptomas. Após, foram baixadas as sequências de mRNA e as sequências codificadoras foram utilizadas para o mapeamento das leituras dos transcriptomas. O mapeamento e a análise de expressão diferencial foram realizados no CLC Genomics Workbench 23.0.4. Foram considerados diferencialmente expressos, os genes que apresentaram $p < 0,05$.

Resultados e discussão: A infecção pelo SARS-CoV-2 induziu um aumento na transcrição da Gpx4 (FC = 7,71) e da Nqo1 (FC = 5,83) indicando uma adaptação do organismo no combate ao estresse oxidativo. Em contrapartida, houve uma diminuição na transcrição da GstA4 (FC = -19,33), GstM2