para a otimização do uso de ATM em pacientes submetidos a cuidados de terapia intensiva.

Palavras-chave: Gestão de antimicrobianos Unidade de terapia intensiva Antimicrobial Stewardship Visita Multidisciplinar Antimicrobianos

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.102884

COVID-19

ANÁLISE DO ESQUEMA VACINAL EM PACIENTES INFECTADOS COM A LINHAGEM XBB NA REGIÃO CENTRAL DO RIO GRANDE DO SUL, BRASIL

Bruna Candia Piccoli[a,*], Luíza Funck Tessele[a], Bruna Campestrini Casarin[a], Thais Regina y Castro[a], Ana Paula Seerig[b], Andressa de Almeida Vieira[a], Alexandre Vargas Schwarzbold[a], Vitor Telles Santos[a], Priscila de Arruda Trindade[a]

[a] *Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), Santa Maria, RS, Brasil;*
[b] *Vigilância em Saúde, Secretaria Municipal da Saúde de Santa Maria, Santa Maria, RS, Brasil*

Introdução: A linhagem recombinante XBB, em circulação no Brasil, evade a imunidade mediada por anticorpos adquiridos pela vacinação ou infecções prévias por SARS-CoV-2 devido a múltiplas mutações no gene S. Indivíduos com esquema vacinal completo permanecem protegidos contra a forma grave, hospitalização e morte por COVID-19. No entanto, aqueles com doses insuficientes ou passados mais de seis meses podem ter proteção reduzida contra o vírus.

Objetivo: Realizar a genotipagem de amostras positivas para SARS-CoV-2 e investigar o esquema vacinal de indivíduos infectados com a linhagem XBB na região central do RS, Brasil.

Métodos: Foram sequenciadas amostras positivas para SARS-CoV-2 de laboratórios públicos e privados da 4ª Coordenadoria Regional de Saúde do RS, das semanas epidemiológicas 47/2022 a 17/2023. As tecnologias MinION ou Illumina iSeq 100 foram empregadas para realizar o sequenciamento no LABIOMIC. Utilizou-se o protocolo de bioinformática ARTIC nCoV-2019 ou Dragen COVID para montar as sequências consenso. Os clados e linhagens foram determinados pelo Nextclade e Pangolin, respectivamente. Os dados epidemiológicos e clínicos dos pacientes infectados com a variante XBB foram obtidos do DATASUS, e-SUS e SIVEP GRIPE.

Resultados e discussão: Das 340 amostras sequenciadas, 89 foram identificadas como XBB ou suas sublinhagens. Em relação à faixa etária, 41,6% com 40-59 anos; 33,7% com +60 anos e se recuperaram da infecção por XBB (97,7%). Apenas três pacientes foram hospitalizados (dois na UTI e um na enfermaria), resultando em dois óbitos. Ambos os pacientes tinham idade ≥80 anos, sendo um com esquema vacinal incompleto. Em relação ao esquema vacinal, 41,6% dos indivíduos receberam duas doses da vacina e um reforço, enquanto 27% receberam dois reforços. No entanto, 55% dos indivíduos receberam sua última dose há mais de um ano. Cinco indivíduos não foram vacinados. A capacidade de neutralização da dose de reforço (Pfizer-BioNTech BNT162b2) é 66 vezes menos eficaz contra a cepa XBB.1.5 em comparação com a cepa WA.1.

Conclusão: A maioria dos pacientes infectados com XBB se recuperou, porém, receberam sua última dose de vacina ou reforço há mais de um ano, indicando possível declínio ou ausência de anticorpos contra o vírus. Portanto, é importante enfatizar a importância de completar o esquema vacinal.

Palavras-chave: Vacinação Variante recombinante COVID-19

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.102885

ANÁLISE DO MICROBIOMA ORAL EM PACIENTES COM COVID-19

Joyce Vanessa da Silva Fonseca[a,*], Nazareno Scaccia[a], Pablo Andres Munoz Torres[a], Lucas Augusto Moyses Franco[a], Cesar Augusto Migliorati[b], Bernal Stewart[c,d], Rodrigo Melim Zerbinati[e], Paulo Henrique Braz Da Silva[e], Ester Cerdeira Sabino[a], Silvia Figueiredo Costa[f]

[a] *Departamento de Doenças Infecciosas e Parasitárias, Faculdade de Medicina da Universidade de São Paulo (FMUSP), São Paulo, SP, Brasil;*
[b] *Department of Oral & Maxillofacial Diagnostic Sciences, University of Florida, Gainesville, Estados Unidos;*
[c] *Latin American Oral Health Association (LAOHA), São Paulo, SP, Brasil;*
[d] *Colgate Palmolive Company, Global Technology Center, Piscataway, Estados Unidos;*
[e] *Laboratório de Virologia, Instituto de Medicina Tropical, Faculdade de Medicina da Universidade de São Paulo (FMUSP), São Paulo, SP, Brasil;*
[f] *Divisão de Doenças Infecciosas e Parasitárias, Hospital das Clínicas, Faculdade de Medicina, Universidade de São Paulo (HCFMUSP), São Paulo, SP, Brasil*

Introdução: A cavidade oral é um importante local de entrada e multiplicação de vírus respiratórios, o sistema imune e o microbioma oral atuam como barreiras antivirais. As alterações no microbioma oral podem acarretar doenças bucais, desta forma, foi realizado um estudo de coorte prospectiva, conduzido no Hospital das clínicas da FMUSP, com o objetivo de avaliar a prevalência de manifestações orais associadas à COVID-19 e o impacto do microbioma oral na gravidade da doença.

Métodos: As mostras orais foram coletadas de pacientes positivos para SARS-CoV-2. Após a extração das amostras de saliva, foi realizado o sequenciamento do gene 16S rRNA, na plataforma Ion Torrent PGM (Life Technologies, USA). E as análises de diversidade alfa e beta foram conduzidas utilizando o programa R. Dados clínicos foram coletados do prontuário eletrônico. O modelo de regressão logística múltipla fora construído para avaliar a associação entre a diversidade da microbiota e os desfechos de gravidade.

Resultados: O estudo incluiu 125 pacientes, e após análise, 115 amostras foram incluídas. A maioria dos pacientes era do sexo feminino (54,8%), a idade média foi de 55,4 anos. Cerca