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[a,*], Aline Carrilho Menezes[a], Clareci Silva Cardoso[a], Ana Flávia Avelar Maia Seixas[a], Mayara Santos Mendes[b]

[a] *Universidade Federal de São João del-Rei (UFSJ), São João del-Rei, MG, Brasil;*
[b] *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 telessaúde 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