



Since January 2020 Elsevier has created a COVID-19 resource centre with free information in English and Mandarin on the novel coronavirus COVID-19. The COVID-19 resource centre is hosted on Elsevier Connect, the company's public news and information website.

Elsevier hereby grants permission to make all its COVID-19-related research that is available on the COVID-19 resource centre - including this research content - immediately available in PubMed Central and other publicly funded repositories, such as the WHO COVID database with rights for unrestricted research re-use and analyses in any form or by any means with acknowledgement of the original source. These permissions are granted for free by Elsevier for as long as the COVID-19 resource centre remains active.

encaminhada para anatomopatológico com resultado em 17/06/2021 constatou micose com extensa necrose, acometimento vascular e abscessos neutrofilicos consistente com mucormicose. O uso extensivo de esteróides associado ao quadro de diabetes (esta apenas diagnosticada durante o tratamento da COVID 19), neste caso, pode ter contribuído com o desenvolvimento desta doença oportunista que levou o paciente a óbito dia 06/07/2021, porém o desenvolvimento da doença em paciente que não fez uso de imunobiológico e não apresenta doença imunossupressora é incomum quando associado a COVID 19.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2021.102040>

PI 045

#### MUDANÇAS EM SÉRIES TEMPORAIS DE INCIDÊNCIA E MORTALIDADE POR COVID-19 NO ESTADO DE SÃO PAULO: UMA ANÁLISE DE "JOINPOINT REGRESSION"

Micheli Pronunciante,  
Carlos Magno Castelo Branco Fortaleza

Faculdade de Medicina de Botucatu, Botucatu, SP,  
Brasil

**Introdução/Objetivo:** Ao longo da pandemia de COVID-19, observou-se grande flutuação do número de casos e óbitos, causada por fatores tão díspares quanto medidas não farmacêuticas, introdução de variantes e estratégias de vacinação. O objetivo deste estudo foi analisar as grandes mudanças de tendência (joinpoints), utilizando ferramenta de análise de séries temporais complexas.

**Métodos:** Realizou-se estudo ecológico baseado em notificações de casos e mortes por COVID-19 no Estado de São Paulo entre 25/02/2020 e 30/09/2021. Considerando a população total do Estado, como denominador, esses casos foram submetidos a modelos lineares de "Joinpoint Regression".

**Resultados:** A incidência acumulada de COVID-19 foi 9512,2 por 100.000 habitantes, com mortalidade agregada de 326,8 por 100.000 habitantes. Foram identificadas duas mudanças drásticas (joinpoints) de tendência de incidência, com aumento a partir do dia 04/12/2020 (mudança percentual diária [MPD] = 0,28%;  $p < 0,001$ ) e redução após 01/04/2021 (MPD = -0,16;  $p < 0,001$ ). Quanto à mortalidade, foram identificados três joinpoints: o primeiro em 01/07/2020 (revertendo uma tendência de aumento de MPD de 0,001% para -0,001%, ambas com  $p < 0,001$ ); o segundo em 04/12/2020 (com novo aumento, MPD = 0,01%;  $p < 0,001$ ); o terceiro em 15/04/2021, com nova tendência à redução (MPD = -0,002%;  $p < 0,001$ ).

**Conclusão:** Após a emergência da COVID-19, uma redução de casos e óbitos, provavelmente devido às medidas não farmacêuticas, foi observada entre julho e dezembro de 2020. Um novo aumento, coincidente com a introdução da variante de preocupação gama (P1), só foi revertido em abril de 2021, após o avanço da vacinação no Estado.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2021.102041>

PI 046

#### MULTI PAINEL RESPIRATÓRIO FLOW CHIP NO DIAGNÓSTICO DIFERENCIAL DE SARS-COV-2

Neilton Paulo Bezerra,  
Mayara Gomes de Arruda,  
Leonardo Nazário de Moraes,  
Maércio de Oliveira Alho, Gabriela Boni Poli,  
Rejane Maria Tommasini Grotto,  
Maria Inês de Moura Campos Pardini,  
Carlos Magno Castelo Branco Fortaleza,  
Lenice Do Rosário de Souza

Universidade Estadual Paulista (UNESP), São Paulo,  
SP, Brasil

**Introdução:** No final do ano de 2019, foi relatado à Organização Mundial da Saúde (OMS), casos de surto de pneumonia de causa desconhecida na cidade de Wuhan, China. Tratava-se de um novo coronavírus, o SARS-COV-2, agente causador de uma doença infecciosa respiratória, a COVID-19. Em fevereiro de 2020, o surto foi elevado à categoria de pandemia pela OMS. A rápida transmissão em conjunto com o aumento no número de óbitos e a sintomatologia semelhante a outras infecções respiratórias virais, tornou necessário o diagnóstico diferencial, rápido, sensível, simples e acessível no enfrentamento da pandemia.

**Objetivo:** O trabalho teve como objetivo, a comparação entre a metodologia Multi Painel Respiratório de 24 patógenos (PR24) Flow Chip no diagnóstico diferencial de SARS-COV-2, com a metodologia Multiplex RT-qPCR, considerada padrão-ouro no diagnóstico desse vírus.

**Métodos:** A partir de aspirados de naso/orofaringe de 22 indivíduos com sintomas gripais, foi extraído o material genético utilizando o kit BIOPUR de Mini Spin Vírus DNA/RNA 2.0, seguido por transcrição reversa e Reação em Cadeia da Polimerase (RT-PCR) no aparelho Hybrisspot 12 PCR Auto, utilizando o kit de detecção XGEN Multi PR24 Flow Chip. Após a amplificação, ocorreu a hibridização reversa em um chip que é composto por uma membrana de nylon (tecnologia Flow Chip) que permite a detecção de até 24 patógenos virais, além do SARS-COV-2 e outros 5 tipos de coronavírus.

**Resultados:** De 22 amostras testadas 14 foram detectadas para SARS-COV-2 por RT-qPCR. No Painel Respiratório Viral Flow Chip, apenas duas delas apresentaram resultados contrastantes como positivo incerto e/ou presumível positivo. Porém, na validação dos resultados feita por leitura visual da marcação das sondas na membrana dos chips, ambas amostras se mostraram compatíveis com o resultado da Multiplex RT-qPCR, demonstrando 100% de compatibilidade na detecção do SARS-COV-2. Além disso, foram detectados outros agentes virais (Bocavírus; Corona NL63; Rhinovírus; Corona 229E; Enterovírus e SARS-Like) demonstrando a importância da metodologia molecular no diagnóstico diferencial da COVID-19.

**Conclusão:** A metodologia Multi Painel Respiratório Flow Chip, utilizada na detecção e diagnóstico diferencial do SARS-COV-2, demonstrou ser totalmente eficaz, semelhante à Multiplex RT-qPCR. Além de uma importante ferramenta na