Morbidade Hospitalar do SUS, segundo variáveis de sexo, idade, ano e região relacionadas ao número de internação e óbitos por sepse entre janeiro de 2018 e dezembro de 2022 no país. Aplicada estatística descritiva por meio do software Microsoft Excel.

Resultados: Entre 2018 a 2022, 660.247 pacientes foram internados e 299.859 foram a óbito devido a sepse no SUS. Ao longo dos anos, o número de casos aumentou 11% entre 2018-2019, reduziu 14% entre 2019–2020, reduziu 2,6% entre 2020–2021 e aumentou 30,8% de 2020–2022. A região sudeste representou 51% do total de internações durante o período do presente estudo e 55,2% dos óbitos. Em segundo lugar, encontra-se a região nordeste, concentrando 19,19% do número de internações, seguida pela região sul com 19,14% e pela região norte com 5,63%. Já, a região centro-oeste registrou os menores números, contando com 4,9% das internações e 4% dos óbitos. A faixa etária mais acometida foram os idosos a partir dos 60 anos, a qual correspondeu a 59% das internações e 74 % dos óbitos, sendo a maior taxa observada. A proporção de internações, bem como de óbitos, se aproximou da proporção 1:1 para ambos os sexos.

Conclusão: A região do Brasil com o maior número de internações por sepse foi o Sudeste. Já a região Centro-Oeste apresentou o menor número de internações no período analisado. Não houve diferenças de internações ou óbitos entre o sexo masculino e feminino e a faixa etária com maior vulnerabilidade foi a de idosos a partir de 60 anos. É importante ressaltar que os resultados apresentados neste estudo requerem maior aprofundamento epidemiológico, na medida em que a subnotificação das internações foi uma limitação.

Palavras-chave: Sepse , Óbito Internação , Manejo , Evolução

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103329

ANÁLISE GENÔMICA COMPARATIVA DE ISOLADOS CLÍNICOS DE STENOTROPHOMONAS MALTOPHILIA DE PACIENTES PEDIÁTRICOS

Luiza Souza Rodrigues[b,*], Danieli Conte[b], Dany Mesa[b], Damaris Krul[b], Gabriela Uessugui[b], Thaís Muniz Vasconcelos[b], Érika Medeiros dos Santos[a], Libera Maria Dalla Costa[b]

[a] *Hospital Pequeno Príncipe, Curitiba, PR, Brasil;*
[b] *Instituto de Pesquisa Pelé Pequeno Príncipe, Curitiba, PR, Brasil*

Introdução/Objetivo: *Stenotrophomonas maltophilia* é um patógeno oportunista emergente, intrinsicamente resistente à múltiplas drogas, tornando-se um desafio na prática clínica. O objetivo deste estudo foi determinar as características fenotípicas, genotípicas e a estrutura populacional de *S. maltophilia* isolados de pacientes pediátricos.

Métodos: Foram incluídos 30 isolados de pacientes atendidos entre 2016 e 2022, os quais foram identificados por método proteômico (MALDI-TOF MS, Bruker®), avaliados quanto ao perfil de suscetibilidade (microdiluição em caldo) e explorados quanto a diversidade genética a partir de dados de WGS (*Whole Genome Sequencing*).

Resultados: Do total, 56,7% foram isolados de sangue, 20% de amostras respiratórias e 23,3% de outros materiais. Seis microrganismos foram resistentes ao Sulfametoxazol/Trimetoprima (STX/TM), dois apresentaram concentração inibitória mínima (CIM) ≥8 ug/mL para levofloxacina e, 22, CIM ≥32 ug/mL para ceftazidima. A média do tamanho dos genomas foi de 4,7 Mb, ao longo dos quais, foram identificadas em média, 4.224 sequencias codificantes. A Análise de Identidade média de Nucleotídeos (ANI), útil para verificar a identidade taxonômica entre genomas, variou entre 91,14% e 99,98%, demonstrando elevada diversidade entre os isolados, uma vez que cepas de mesma linhagem apresentam ANI ≥95%. Na análise de MLST (*Multilocus Sequence Typing*), um total de 27 Sequências Tipo (STs) foram identificados, 12 delas inéditas e depositadas no pubMLST. Um total de 1.914 genes centrais (core genoma) e um amplo genoma acessório (17.840 genes) foram identificados, dados característicos de um pan-genoma aberto com potencial para adaptações. Entre os genes de resistência identificados (≥85% similaridade) destacaram-se: enzimas modificadoras de aminoglicosídeos, bombas de efluxo, beta-lactamases e de resistência a sulfonamida. Entre os isolados resistentes ao STX/TM, três apresentavam o gene sul1 identificado em plasmídeos.

Conclusão: A emergência da resistência ao STX/TM foi uma realidade na coleção de S. maltophilia de pacientes pediátricos, justificada pela presença do gene sul1 em plasmídeos conjugativos com potencial para disseminação da resistência para outros microrganismos. Além disso, foi observado um elevado grau de diversidade genética entre os isolados que foi possível de ser observada com o sequenciamento genômico e justifica cada vez mais seu uso na epidemiologia de microrganismos de interesse clínico.

Palavras-chave: *Stenotrophomonal maltophilia* , sul1 , Perfil de suscetibilidade , Plasmídeo , *Whole-Genome Sequencing*.

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103330

ANÁLISE GENÔMICA DE ACINETOBACTER BAUMANII RESISTENTE AOS CARBAPENÊMICOS ISOLADOS NA REGIÃO AMAZÔNICA: RESULTADOS DA PLATAFORMA GENERATE

Laysa de Souza Maia[d,*], Rosineide Vieira Góis[b], Mariana Pinheiro Alves Vasconcelos[c], Antonieta Ferreira Machado de Oliveira[e], Fernanda Carlos de Góis Oliveira[c], Taiana Carvalho de Souza[f], Wellington Pine Omori[f], Allan Silva[f], Tatiane Silva Carvalho[a], Myrna Lícia Gelle de Oliveira[d], Tiago Barcelos Valiatti[d,g]

[a] *Agência Estadual de Vigilância em Saúde de Rondônia, Porto Velho, RO, Brasil;*
[b] *Centro Universitário Aparício Carvalho, Porto Velho, RO, Brasil;*
[c] *Centro de Medicina Tropical de Rondônia, Porto Velho, RO, Brasil;*

[d] *Faculdades Integradas Aparício Carvalho – Grupo Rondoniense de Pesquisa em Ciências Da Saúde – GRPCIS/ FIMCA-JARU, Jaru, Rondônia, Brasil;*
[e] *Hospital Infantil Cosme Damião, Porto Velho, RO, Brasil;*
[f] *Laboratório Central de Saúde Pública de Rondônia, Porto Velho, RO, Brasil;*
[g] *Neoprospecta Microbiome Technologies*

Introdução: Acinetobacter baumannii resistentes aos Carbapenêmicos (CRAB) é atualmente um dos principais problemas de saúde pública do mundo, e é considerado pela Organização Mundial da Saúde (OMS) como um patógeno prioritário para pesquisa e desenvolvimento de novos antimicrobianos. Frente a isso, é importante compreender as características genômicas dessas linhagens que estão circulando nos hospitais. No Brasil, ainda existe uma escassez desses dados, principalmente na região norte do país. Diante disso, está sendo criada a plataforma GENERATE que tem como objetivo disponibilizar dados genômicos de bacilos gram-negativos multirresistentes do Brasil. Diante disso o objetivo do trabalho foi analisar as características genômicas de isolados de CRAB isolados no estado de Rondônia incluídos no projeto GENERATE.

Metodologia: Nove isolados de CRAB recuperados de hemocultura (n=4) e aspirado traqueal (n=5) de dois hospitais de Porto Velho – RO foram sequenciados utilizando Illumina HiSeq 2500. A montagem e anotação de novo foram realizadas usando os softwares SPAdes e Prokka, respectivamente. O *Sequence Type* (ST) e análise filogenética foi realizada na plataforma CGE e o resistoma foi obtido no CARD.

Resultados: Nossas análises identificaram a presença de cinco STs, sendo eles: ST79 (n=3), ST160 (n=1), ST8554 (n=1), ST1 (n=1), e ST2 (n=1). Além disso, dois isolados apresentaram novos STs. Também foi verificado a presença de genes de conferem resistência aos β-lactâmicos (blaTEM-1, blaADC-Like, blaOXA-51-Like, blaOXA-23, blaGES-5), aminoglicosídeos (aac(6')-ib', ant(2'')-Ia, ant(3'')IIc, aph(3')-Via, aph(3'')-Ib, aph(6)Id, aadA, armA), trimetoprima (dfrA1), macrolídeos (mphE, msrE), anfenicóis (florR, catB8), tetraciclinas (tet(B)) e mutações que conferem resistências as quinolonas (gyrA S81L; parC S84L, V104I, D105E). Todos os CRAB possuíam OXA-23, e curiosamente, um isolado também carreava o gene codificador da carbapenemase GES-5, sendo esse até onde sabemos, o segundo relato no mundo. A análise filogenética mostrou que os três isolados ST79 estavam intimamente relacionados, assim como os dois isolados que pertencem a um novo ST.

Conclusão: Os dados aqui apresentados revelam uma diversidade de genes que conferem resistência a diversas classes de antimicrobianos. Além disso, identificamos a presença do ST2 que não é muito frequente no Brasil e uma linhagem ST1 co-abrigando blaOXA-23 e blaGES-5. Esses dados reforçam a variabilidade genética de CRAB na Amazônia

Palavras-chave: Resistência bacteriana , *Acinetobacter baumanni* , Região amazônica , GES-5 , OXA-23

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103331

ANÁLISE MICROBIOLÓGICA "IN VITRO" DE UM DESCONTAMINADOR PORTÁTIL DE SUPERFÍCIES

Isabella Emerique da Costa[a,*],
Caroline Corrêa Fendeler[a], Gabriela Ceccon Chianca[a],
Helvécio Cardoso Corrêa Póvoa[a],
Raiane Cardoso Chamon[b],
Natalia Lopes Pontes Póvoa Iorio[a]

[a] *Laboratório de Microbiologia Experimental e Aplicada, Universidade Federal Fluminense (UFF), Niterói, RJ, Brasil;*
[b] *Universidade Federal Fluminense (UFF), Niterói, RJ, Brasil*

Introdução/Objetivo: Os procedimentos inadequados de desinfecção das superfícies dos ambientes de saúde contribuem com a disseminação de microrganismos potencialmente patogênicos, impactando diretamente na ocorrência das contaminações cruzadas. O objetivo deste trabalho foi verificar, "in vitro", a eficácia de um aparelho portátil de Ultravioleta C (UV-C), indicado como descontaminador auxiliar de superfícies, na redução de amostras microbianas. Métodos: Cinco espécies bacterianas foram avaliadas no experimento, sendo estas: Staphylococcus aureus ATCC 25923, Streptococcus mutans ATCC 25175, Enterococcus faecalis ATCC 29212, Pseudomonas aeruginosa ATCC 10145 e Escherichia coli ATCC 11775. Foram preparadas suspensões contendo aproximadamente 108 Unidade Formadora de Colônia (UFC)/mL e estas foram diluídas até 10–7. Posteriormente, cada amostra teve suas diluições semeadas em quadruplicata em meio ágar "*Brain and Heart Infusion*". Um conjunto de duplicata (grupo teste) de cada amostra foi irradiado por cinco vezes, 1,5 cm de distância e 1 cm/s, enquanto que o outro conjunto de cada amostra compôs o grupo não irradiado (grupo controle). As placas foram incubadas por 24h/36°C e o número de UFC/mL definido em seguida. O ensaio foi realizado em três momentos distintos para cada amostra bacteriana.

Resultados: O descontaminador auxiliar de superfícies foi responsável por reduzir mais de 99% da carga bacteriana, sendo 99,99998% para *S. aureus*, 99,99991% para *S. mutans*, 99,99996% para *E. faecalis*, 99,99999% para *P. aeruginosa* e 99,99998% para *E. coli*.

Conclusão: Os resultados sugerem que o descontaminador portátil à base de UV-C representa uma alternativa adjuvante na redução da carga bacteriana presente nas superfícies dos ambientes de assistência à saúde, reduzindo assim risco de contaminação cruzada.

Palavras-chave: Desinfecção , Microbiologia , Contenção de riscos biológicos

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103332

ASSOCIAÇÃO ENTRE MICRORGANISMOS (MO) AMBIENTAIS E AQUISIÇÃO DE INFECÇÕES RELACIONADAS À ASSISTÊNCIA À SAÚDE (IRAS) EM UTIS ADULTO NO BRASIL

Mariana Elias Lipay[a,*], Leonardo Daniel Tavares[b],
Claúdia Vallone Silva[b],
Luana Silva Rodrigues de Araújo[b],
Adriano José Pereira[b]