

Resultados: Foram incluídos 1.297 participantes; a idade mediana foi de 36,8 anos (IQR = 27,5-47,3). 134/1.297 (10,3%) participantes estavam colonizados por *S. pneumoniae* e 33/134 (26,4%) tiveram sorotipos identificados. O sorotipo 19A foi o mais prevalente (21,2%, 7/33), seguido por: 23A (15,2%, 5/33) e 6C/6D (12,1%, 4/33). Os principais patógenos respiratórios identificados foram SARS-CoV-2 (36,4%, 472/1.296), rinovírus (34,8%, 449/1.291), *Mycoplasma pneumoniae* (1,4%, 18/1.291), e em menor percentual coronavírus HKU1 e NL63, enterovírus, metapneumovírus, adenovírus, representando 1,9% (25/1.291). A detecção de rinovírus foi associada à não-colonização pneumocócica ($p < 0,001$), enquanto que nos outros patógenos detectados não houve associação significativa para colonização. Não foram detectados: *Bordetella pertussis*, bocavírus; coronavírus (229E e OC43); vírus influenza A (H1 e H3); vírus influenza B; vírus parainfluenza (1, 2 e 3); e vírus sincicial respiratório (A e B). Não houve associação entre gravidade clínica e colonização pneumocócica. 5,5% (71/1.297) indivíduos foram hospitalizados; 4% (46/1.297) precisaram de oxigênio suplementar e houve 1% (15/1.297) de óbitos. 14,3% (185/1.297) referiram uso de antibióticos na semana anterior à inclusão no estudo, sendo que 94% (173/185) não eram colonizados ($p = 0,049$).

Conclusão: Não houve associação da colonização com patógenos respiratórios ou desfechos por hospitalização. O sorotipo 19A foi o mais prevalente nessa população, sendo um potencial agente de infecção invasiva. A avaliação da prevalência é fundamental para monitorar o cenário epidemiológico e orientar a tomada de decisões em saúde pública.

Palavras-chave: *Streptococcus pneumoniae* Agentes respiratórios COVID-19

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103144>

DETERMINAÇÃO DE UROPATÓGENOS RESISTENTES À FOSFOMICINA ISOLADOS DE PACIENTES ATENDIDOS EM 34 UNIDADES BÁSICAS DE SAÚDE (UBS) E COMPARAÇÃO DOS MÉTODOS PARA DETECÇÃO DE RESISTÊNCIA À FOSFOMICINA

Inneke Marie van der Heijden Natário^{a,b,*},
Daniela Alexandre Verloti^a,
Alexandre José Natário^a,
Catarina Pallares de Almeida^a, Nazareno Scaccia^b,
Heloisa de Faria Baltazar^c,
Fernando Luiz Affonso Fonseca^a,
Sílvia Figueiredo Costa^b

^a Centro Universitário FMABC, Santo André, SP, Brasil;

^b Faculdade de Medicina da Universidade de São Paulo (FMUSP), São Paulo, SP, Brasil;

^c Secretaria Municipal de Saúde do Município de São Bernardo do Campo, São Bernardo do Campo, SP, Brasil

Introdução/Objetivos: As infecções do trato urinário (ITU) são infecções bacterianas comuns e o uso empírico de antimicrobianos na comunidade é crescente, principalmente da fosfomicina oral. Para determinar os principais uropatógenos, avaliamos os resultados de uroculturas de pacientes atendidos em UBS, a suscetibilidade à

fosfomicina e aos carbapenêmicos e a frequência da prescrição de fosfomicina oral.

Métodos: Os dados da cultura de urina foram obtidos do Programa Matrix Diagnosis durante janeiro a dezembro de 2021. A identificação foi realizada por sistema automatizado BD Phoenix e os antibiogramas interpretados de acordo com BrCAST. A detecção de carbapenemases foi confirmada por método imunocromatográfico RESIST-3 Coris BioConcept. O método de disco-difusão para fosfomicina foi comparado à diluição em ágar. Os dados epidemiológicos e clínicos foram avaliados usando EpiInfo.

Resultados: Foram realizadas 56.949 uroculturas em 2021 em 34 UBS, localizadas na cidade de São Bernardo do Campo/SP. Resultados positivos foram detectados em 12,9% de 6.033 pacientes (87,3% mulheres; idade média 49,3; mediana 50). Entre 7.264 culturas positivas, 61,4% apresentaram crescimento de *E. coli*, 8,6% de *K. pneumoniae* e 8% de *E. faecalis*. Um total de 1,1% de isolados bacterianos resistentes à fosfomicina foi obtido de diferentes pacientes (75% mulheres; idade média 57,7). *K. pneumoniae* foi identificada em 38,75% e *E. coli* em 30%. 22,5% de Enterobacterales foram resistentes a pelo menos um carbapenêmico, sendo 10% produtores de carbapenemase KPC e 12,5% ESBL positivos. As CIMs da fosfomicina variaram de 0,25 a 256 ug/mL. Apenas 8,75% de erros graves foram encontrados no método de difusão em disco (nenhum erro muito grave). Durante o ano de 2021, foram prescritos 1.917 sachês de fosfomicina oral em dose única em todas as UBS (média de 161,5/mês). Sete isolados resistentes à fosfomicina foram detectados na UBS Alvarenga, onde foram dispensados 161 sachês. Entre 44 pacientes que responderam a um questionário, 68,2% relataram ITU recorrente e 50% usaram antimicrobianos nos últimos 6 meses. Apenas um paciente recebeu fosfomicina oral devido a ITU recorrente.

Conclusões: *E. coli* ainda é o uropatógeno mais frequente e a resistência aos carbapenêmicos foi detectada nas UBS. A triagem para resistência à fosfomicina pode ser feita por difusão em disco, uma técnica boa e simples. A resistência à fosfomicina é incomum e ainda pode ser usada para tratamento de ITU em UBS brasileiras.

Palavras-chave: Infecções comunitárias Infecções urinárias Resistência bacteriana Fosfomicina Teste de suscetibilidade

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103145>

DIFERENÇAS REGIONAIS QUANTO ÀS INFECÇÕES POR CLAMÍDIA E GONOCOCO: UMA AVALIAÇÃO DAS INTERNAÇÕES E DA REALIZAÇÃO DE EXAMES MOLECULARES DIRECIONADOS PARA ESSES AGENTES NO BRASIL ENTRE 2013-2022

Pedro Eduardo de Moura Souza^{a,*},
Maria Isabel Otoni de Souza^a,
Samira Vilas Verde Fernandes Pereira^b,
João Henrique Fonseca do Nascimento^a,
Carla Suanny de Santana Sena^a,
Iana Nicole Figueiredo Magris^c,
Lívia Pereira Costa Carvalho^a,

Jéssica de Andrade Ribeiro Lima^a,
Felipe Rodrigues dos Santos^a,
João Pedro Miranda de Souza^a,
Tâmera Luiza Rocha dos Santos^d,
Maiêva Pereira Ribeiro^a,
Ana Gabriela Alvares Travassos^a

^a Universidade do Estado da Bahia (UNEB), Salvador, BA, Brasil;

^b Escola Bahiana de Medicina e Saúde Pública (EBMSP), Salvador, BA, Brasil;

^c União Metropolitana de Educação e Cultura (UNIME), Lauro de Freitas, BA, Brasil;

^d Universidade Dom Pedro (UNIDOMPEDRO), Salvador, BA, Brasil

Introdução/Objetivo: As infecções por clamídia e gonococo são capazes de ocasionar doença inflamatória pélvica, conjuntivite neonatal e infecção gonocócica disseminada com potencial de ocasionar internações hospitalares. Os testes moleculares para clamídia e gonococo são tidos como primeira escolha para detecção desses agentes em pacientes assintomáticos e sintomáticos. Tendo isso em vista, o estudo objetiva avaliar o perfil de internações por infecções gonocócicas e por clamídia transmitida por via predominantemente sexual e de exames moleculares para esses agentes segundo região entre os anos de 2013-2022.

Métodos: É um estudo ecológico que utiliza dados do SIH/DATASUS para internações e do SIA/DATASUS para exames moleculares adotando $p < 0,05$ como significativo e utilizando o BioEstat 5.0 para análise estatística.

Resultados: No Brasil, observou-se um total de 1637 internações decorrentes de infecção por clamídia e gonococo entre 2013-2022 com média de 163,7/ano (± 33) sendo que desses casos, 37% ocorreram na região Nordeste (61/ano ± 17) e 31% na região Sudeste (51/ano ± 11) com essas duas regiões demonstrando maior média se comparada as outras regiões do Brasil ($p < 0,05$), mas equiparáveis entre si. Das internações no Brasil, 21% ocorreram em < 1 ano com uma média de 35/ano (± 9), e 35% ocorreram entre as faixas etárias de 15-34 (57/ano ± 10) com outros 38% se concentrando em idades > 34 anos. Notou-se uma média de crescimento geral do número de internações (0,09 \pm 0,24) com maior crescimento na região Sul (0,18 \pm 0,66) e na região Nordeste (0,16 \pm 0,43). Quanto aos testes moleculares, identifica-se a realização de um total de 389.735 (Mediana = 21.813,5 \pm 28.296,7) com 69% dos procedimentos concentrados no Nordeste (Mediana = 97.717,5 \pm 19.721,2) e 16% no Sudeste, existindo diferença estatisticamente significativa entre essas 2 regiões e as regiões Centro-Oeste e Norte ($p < 0,05\%$). Também ocorreu um crescimento médio do número de exames realizados no Brasil (0,491 \pm 1,602) com a maior média relacionada à região Norte (2,432 \pm 7,521).

Conclusão: A região Nordeste e Sudeste apresentam maior número de internações, o que pode ter sido um estímulo para realização de exames moleculares específicos desses agentes nessas regiões. A maior quantidade de internações ocorreu em população com idade fértil, a qual pode se relacionar com a grande quantidade de internações em < 1 ano. Percebe-se

possível aumento de cobertura da realização de exames moleculares, principalmente na região Norte.

Palavras-chave: Infecção por clamídia Infecção por gonococo Regiões do Brasil Internações Exames moleculares

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103146>

DIVERSIDADE CLONAL DE CUTIBACTERIUM ACNES EM AMOSTRAS DE TECIDO PROFUNDO DE PACIENTES SUBMETIDOS A CIRURGIAS PRIMÁRIAS NÃO INFECTADAS DE OMBRO

Mauro José Salles^{a,*}, Mariana Neri Lucas Kurihara^a,
Ingrid Nayara Marcelo Santos^a,
Thomas Stravinskias Durigon^a,
Ana Karolina Antunes Eisen^b, Giovana Santos Caleiro^b,
Jansen de Araújo^b

^a Escola Paulista de Medicina (EPM), Universidade Federal de São Paulo (UNIFESP), São Paulo, SP, Brasil;

^b Universidade de São Paulo (USP), São Paulo, SP, Brasil

Introdução/Objetivo: A diversidade genômica e filogenética de *Cutibacterium acnes* tem sido identificada como potenciais marcadores de patogenicidade. Analisamos os isolados de *C. acnes* obtidos de amostras clínicas, para investigar suas características genéticas e filotípicas.

Métodos: No total, 11 cepas de *C. acnes* foram identificados em amostras de tecidos profundos (bursa, osso e sinóvia) de pacientes submetidos a cirurgias limpas primárias de ombro que foram acompanhados prospectivamente por 2 anos. Os isolados foram submetidos a técnica de sequenciamento genômico completo (WGS) para identificar marcadores genômicos relevantes (genes de biofilme, resistência e patogenicidade). O DNA bacteriano foi purificado usando o kit ZymoBIOMICS DNA Miniprep e a concentração foi medida fluorímetro Qubit[®] 2.0. O sequenciamento foi realizado com o Ion torrent v2.0 da Thermo Fisher e todas as reações de sequenciamento seguiram as recomendações do fabricante. As sequências geradas foram então montadas, anotadas e analisadas de acordo por ferramentas de bioinformática.

Resultados: O genoma completo dos isolados de *C. acnes* (todos multissensíveis) pertencem a quatro tipos diferentes de filotipo (IA1, IA2, IB and II) e quatro subtipos diferentes de SLST (H1, F1, A1 e K1), sendo que o H1 (tipo IB ST5 CC5) foi predominante em 72,7% (8/11). Em um paciente, foram identificadas duas cepas com filotipos diferentes, o tipo II (K1) e outro ao tipo IA2 (F1), sugerindo policlonalidade. Os seguintes genes marcadores de patogenicidade foram identificados, a lipoproteína LpqB, a chaperonina GroEL, os fatores de alongamento EF-Tu, EF-G e o fator CAMP, associados à produção de biofilme. Interessantemente, não foram detectados genes de fatores putativos de virulência, como *tly* e *hyl*, genes de resistência bacteriana e tampouco a presença de plasmídeos. Nenhuma infecção foi detectada no seguimento dos pacientes.

Conclusão: Nossos resultados preliminares permitem concluir que os isolados de *C. acnes* são policlonais e possuem poucos marcadores de patogenicidade, além de genes formadores de biofilme. Mesmo prevalecendo os filotipos mais associados às infecções em implantes ortopédicos (IB e II),