

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),

estes achados reforçam a possibilidade destas cepas serem provenientes da pele ao redor do campo operatório e terem sido inoculados durante o ato operatório. Sugerimos que a decisão de tratamento antibiótico nesta situação deve ser baseada em conjunto com a presença de sinais e sintomas de infecção.

Palavras-chave: Colonização bacteriana Cirurgia de Ombro Sequenciamento completo do genoma

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103147>

DIVERSIDADE GENÉTICA DAS CEPAS DE VÍRUS INFLUENZA A CIRCULANTES NA REGIÃO AMAZÔNICA NOS ANOS DE 2021 A 2023: UMA ANÁLISE DA COMPATIBILIDADE VACINAL

Amanda Mendes Silva Cruz^{a,*},
Edivaldo Costa Sousa Júnior^a,
Luana Soares Barbagelata^a,
Wanderley Dias das Chagas Júnior^a,
Delana Andreza Melo Bezerra^a,
Ágatha Monike Silva Nunes^a, Walter André Júnior^b,
Kátia Cristina de Lima Furtado^c,
Francy Anny Ribeiro Monteiro Mariscal^d,
Andreia Santos Costa^e, Luisa Tajuja Rocha^f,
Fernando Tavares^a, Mirleide Cordeiro dos Santos^a

^a Instituto Evandro Chagas (IEC), Belém, PA, Brasil;

^b Laboratório Central de Saúde Pública do Amazonas (LACEN-AM), Manaus, AM, Brasil;

^c Laboratório Central de Saúde Pública do Pará (LACEN-PA), Belém, PA, Brasil;

^d Laboratório Central de Saúde Pública do Acre (LACEN-AC), Rio Branco, AC, Brasil;

^e Laboratório Central de Saúde Pública do Amapá (LACEN-AP), Macapá, AP, Brasil;

^f Laboratório Central de Saúde Pública de Roraima (LACEN-RR), Boa Vista, RR, Brasil

Introdução/Objetivo: Anualmente a Organização Mundial da Saúde (OMS), verifica a necessidade de atualização da composição da vacina antigripal, devido à alta variabilidade dos vírus influenza, baseando-se nos dados capitados pela Rede Global de Vigilância de Influenza. Nesse contexto, objetivamos por meio da caracterização genética, investigar compatibilidade das cepas de vírus influenza A circulantes na região Amazônica no período de janeiro de 2021 a maio de 2023 com as cepas vacinais preconizadas neste período.

Metodologia: Foram selecionadas 354 amostras positivas, de modo que houvesse representatividade geográfica e temporal, para realização do sequenciamento de genoma completo por amplicons utilizando a plataforma MiSeq illumina. As sequências de nucleotídeos obtidas foram comparadas com as sequências das cepas vacinais preconizadas para os Hemisférios Norte e Sul dos anos de 2021-2023.

Resultados: Dentre os 354 genomas de influenza A analisados, 194 (55%) foram do subtipo A/H1N1pdm09 e 160 (45%) A/H3N2. Quanto as cepas de A/H3N2, 76 (47,5%) foram coletados em 2021, 82 (51,25%) em 2022 e duas (1,25%) em 2023. A análise filogenética mostrou que os genomas de A/H3N2

pertenciam a cinco clados distintos, são eles: 2a.1b (n = 1); 2a.2a (n = 5); 2a.3 (n = 18); 2a.2b (n = 20); e 2a.2 (n = 116). Todos geneticamente divergentes da cepa vacinal A/HongKong/2671/2019 preconizada para a temporada de 2021, mas geneticamente compatível com a cepa vacinal A/Darwin/6/2021-like, estabelecida para as temporadas de 2022 e 2023 do hemisfério sul. Em relação as cepas de A(H1N1)pdm09, 182 (94%) foram coletadas no ano de 2023 e 12 (6%) em 2022. No período analisado, observou-se a co-circulação do clado 6B.1A.5a.2a (n = 112) e clado 6B.1A.5a.2a.1 (n = 82). A maioria das cepas circulantes (72,7%) em 2022 eram geneticamente relacionadas com a cepa vacinal A/Victoria/2570/2019 preconizada para a temporada de 2022 do hemisfério Sul. Até maio de 2023, 60% dos vírus circulantes são geneticamente relacionados com a cepa vacinal A/Sydney/5/2021 disponível para o hemisfério sul, porém 40% são geneticamente relacionados com a cepa vacinal A/Wisconsin/588/2019, estabelecida para a temporada 2022/2023 do hemisfério Norte.

Conclusão: Como consequência da alta variabilidade genética dos vírus influenza, os eventos de incompatibilidade entre a vacina e os vírus circulantes são observados e podem contribuir para uma carga adicional relacionada à doença devido à limitada proteção cruzada.

Palavras-chave: Vírus influenza A Caracterização genética Vacina Região Amazônica

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103148>

DOENÇA DE CREUTZFELDT-JAKOB: RELATO DE TRÊS CASOS NO NORTE DO ESTADO DE MINAS GERAIS

Leide Daiana Silveira Cardoso^{a,*},
Luciano Freitas Fernandes^b, Cecília Corrêa Fernandes^a,
Priscilla Moreira Gonçalves Pereira^c,
Hellen Fonseca Silva Dourado^c

^a Santa Casa de Montes Claros, Irmandade Nossa Senhora das Mercês, Montes Claros, MG, Brasil;

^b Hospital das Clínicas, Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo (HCFMRPUSP), Ribeirão Preto, SP, Brasil;

^c Serviço de Controle de Infecção Hospitalar, Santa Casa de Montes Claros, Irmandade Nossa Senhora das Mercês, Montes Claros, MG, Brasil

A doença de Creutzfeldt-Jakob (DCJ) é uma encefalopatia espongiiforme rara, progressiva e intratável. Tem uma incidência mundial de 1/1.000.000 por habitantes, três subtipos e uma forma variante que está associada ao consumo de carne bovina contaminada. Os sintomas variam entre manifestações neuropsiquiátricas e cognitivas. O diagnóstico é anatomopatológico ou pela associação entre sintomas compatíveis e a presença da proteína 14-3-3 no líquor cefalorraquidiano (LCR). O tratamento é sintomático. O presente estudo visa relatar três casos confirmados da DCJ ocorridos em indivíduos naturais do norte de Minas Gerais nos últimos 5 anos. O primeiro caso de 2018, é de um paciente do sexo masculino, 53 anos, com parestesia e distonia em mão direita. Além de labilidade emocional, irritabilidade, alterações visuais, evoluindo rapidamente com tetraparesia e crises