

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