

neuropsicomotor, variando de início precoce ou tardio, além do risco de abortamento e prematuridade. Devido à alta prevalência da sífilis na população sexualmente ativa, dos desafios do rastreamento, realização de pré-natal e disponibilidade ao tratamento, o aumento dos casos torna-se um alerta para atenção à saúde. Sendo assim, é fundamental descrever o perfil epidemiológico da sífilis congênita de pessoas entre 0 a 19 anos no Brasil.

Métodos: Estudo transversal, retrospectivo e descritivo realizado por meio dos dados disponibilizado pelo Sistema de Morbidade Hospitalar (SIH/SUS – DATASUS) entre 2013 e 2022 considerando o número de hospitalizações pela sífilis congênita de acordo com o local de internação, bem como as variáveis: unidade da Federação, sexo, cor/raça, faixa etária, taxa de mortalidade e valor total. Os critérios de exclusão foram as informações não compatíveis com as variáveis em questão. Para a análise dos dados, foi utilizado o software Microsoft Office Excel® 2016.

Resultados: De acordo com os dados coletados, houve um total de 152.902 internações de crianças e adolescentes por sífilis congênita, no Brasil, entre 2013 e 2022, sendo o Rio de Janeiro o estado com maior número de internações (15,12%), seguido de São Paulo (13,84%) e Pernambuco (9,72%). Amapá (0,55%) e Acre (0,62%) apresentaram menores taxas. Sem identificação (39,93%), pardos (39,72%), menores de um ano de idade (99,37%), mulheres (51,6%), homens (48,4%) é o perfil nacional de maior acometimento da sífilis congênita. Destacando as maiores taxas de mortalidade nos estados do Acre (0,83%), Amapá (0,48%) e Piauí (0,47%) e, igualmente, as menores no Mato Grosso e Distrito Federal, (0,6%), se comparadas à nacional (0,17%).

Conclusão: Conhecer o perfil da população mais afetada, sobretudo das pessoas sem informação de cor/raça, viabiliza o desenvolvimento de estratégias adequadas para prevenção, diagnóstico precoce e tratamento. A taxa de mortalidade maior em estados com baixos índices de internação, Acre e Amapá, sugere baixa eficácia do tratamento, perpassando do acesso aos serviços de saúde, disponibilidade de leitos e medicamentos, ao acompanhamento ambulatorial, multidisciplinar. Assim, ações conjuntas das esferas de saúde necessitam ser tomadas visando garantir o amplo funcionamento do Sistema Único de Saúde (SUS).

Palavras-chave: Sífilis congênita Pediatria Perfil epidemiológico Brasil

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103211>

PERFIL EPIDEMIOLÓGICO E MICROBIOLÓGICO DE PACIENTES COM OSTEOMIELITES EM UM SERVIÇO DE REFERÊNCIA NO ESTADO DO ESPÍRITO SANTO ENTRE 2017 E 2019

Carolina Salume Xavier*

Hospital Estadual Dório Silva (HDS), Serra, ES, Brasil

Introdução: Uma das complicações mais desafiadoras da cirurgia do trauma é a infecção após fixação de fratura (IAFF), cujo diagnóstico precoce e manejo adequado é essencial para a prevenção da osteomielite crônica, que vem aumentando globalmente ao longo dos anos. A crescente ocorrência de

acidentes de trânsito com traumas de alta energia, aliado a ocorrência de fraturas expostas de manejo complexo são possíveis fatores que contribuem para este aumento. A maior frequência de microorganismos multirresistentes tem tornado o tratamento cada vez mais desafiador e uma equipe multidisciplinar incluindo ortopedistas e infectologistas se faz necessária para conduzir adequadamente os casos.

Objetivo: Descrever o perfil epidemiológico e microbiológico dos pacientes com osteomielites atendidos no Hospital Dório Silva (HDS) entre 2017 e 2019, e seu progresso após tratamento cirúrgico em 12 meses.

Métodos: Foi conduzido um estudo de série de casos de pacientes com diagnóstico de osteomielites acompanhados no HDS, com avaliação de variáveis clínico-demográficas, microorganismos identificados em culturas de fragmentos ósseos e desfecho clínico após 12 meses do tratamento concluído.

Resultados: Cento e setenta e nove pacientes foram incluídos no estudo. A maioria dos pacientes era do sexo masculino (n = 128; 71,5%) e foram diagnosticados com osteomielite crônica (n = 169; 94,4%). Cento e trinta e sete das osteomielites foram causadas por apenas um agente bacteriano (76,6%), e 42 (26,47%) foram polimicrobianas. Do total de pacientes estudados, 140 (78,2%) apresentaram recorrência osteomielite. Foram isolados 278 patógenos, sendo os mais prevalentes os cocos gram-positivos, *Staphylococcus aureus* (n = 104; 37,4%) e *Staphylococcus coagulase negativa* (n = 52; 18,7%) seguidos das bactérias gram-negativas (n = 109; 39,2%).

Conclusão: O perfil epidemiológico e microbiológico encontrado é semelhante à literatura vigente, sendo a maior prevalência de osteomielite crônica pós traumática de membros inferiores entre homens com idade acima de 50 anos, e infecções por cocos gram-positivos, porém com uma proporção maior de recorrências. Este estudo aponta para a importância de elucidar os fatores de risco que levam à recorrência da infecção, bem como de estruturar serviços de saúde formados por equipe multidisciplinar integrada para atendimento dos pacientes vítimas de fraturas ortopédicas.

Palavras-chave: Infecção após fixação de fratura osteomielite microbiologia recorrência

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103212>

PERFIL ETIOLÓGICO DAS INFECÇÕES RESPIRATÓRIAS AGUDAS (IRA) OCORRIDAS NO ESTADO DO ACRE

Ágatha Monike Silva Nunes^{a,*},
Delana Andreza Melo Bezerra^a,
Luana Soares Barbagelata^a,
Amanda Mendes Silva Cruz^a,
Wanderley Dias das Chagas Júnior^a,
Edvaldo Tavares Penha Junior^a, Edna Filizzola^a,
Alessandra Alves Polário^a,
Maria Silvia Sousa de Lucena^a,
Francy Anny Ribeiro Montero Mariscal^b,
Mirleide Cordeiro dos Santos^a

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

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

Introdução: As infecções respiratórias agudas (IRAs) são um grupo diversificado de doenças infecciosas, que acometem o trato respiratório de crianças e adultos pelo mundo, sendo os agentes etiológicos mais comuns os vírus. Apresentam sintomas muitos semelhantes, dificultando o diagnóstico clínico correto, o que evidencia a grande importância do diagnóstico laboratorial.

Objetivo: Descrever o perfil etiológico dos casos de IRA ocorridos no estado do Acre, no período de janeiro de 2022 a maio de 2023

Materiais e métodos: Foram analisados 1207 espécimes clínicos (swab combinado ou aspirado de nasofaringe), coletados de pacientes com IRA de ambos os gêneros e diferentes faixas etárias. As amostras foram submetidas a extração de ácido viral nucleico viral utilizando kit comercial. O RNA viral foi analisado por reação em cadeia da polimerase em tempo real precedida de transcrição reversa (RT-qPCR) utilizando iniciadores específicos para 14 vírus diferentes, são eles: Adenovírus (AdV), Bocavírus (HBoV), Metapneumovirus (HMPV), Rinovírus (HRV), Parainfluenza 1 (PIV1), Parainfluenza 2 (PIV2), Parainfluenza 3 (PIV3), Coronavírus HKU1, Coronavírus 229E, Coronavírus OC43, Vírus Sincicial Respiratório (RSV), incluindo o vírus Influenza A e B (FluA/FluB), SARS-CoV-2 (SC2).

Resultado: No total de amostras analisadas, 513 mostraram-se positivas (pos) para um ou mais dos agentes investigados. Sendo 198 (16,40%) pos para HRV, FluA 59 (4,89%) pos, HMPV 50 (4,14%) pos, AdV 50 (4,14%) pos, HBoV 45 (3,73%) pos, PIV3 32 (2,65%) pos, HKU1 21 (1,74%) pos, NL63 13 (1,08%) pos, RSV 9 (0,74%) pos, SC2 8 (0,66%) pos, PIV2 8 (0,66%) pos, PIV1 7 (0,58%) pos, OC43 7 (0,58%) pos, 229E 6 (0,50%) pos. A faixa etária de 0 a 5 anos foi a mais acometida pela IRA com o agente viral em destaque o HRV. Quanto ao perfil de circulação a maior incidência dos vírus respiratórios teve presença do HRV sendo notada em desde jan/2022 a out/2022 tendo um pico em jun/2022 acompanhado do HMPV.

Conclusão: Nossos resultados evidenciaram a participação dos agentes virais na indução de IRA especialmente HRV, acometendo principalmente pacientes pediátricos. Corroborando assim, o papel do diagnóstico laboratorial na elucidação dos casos de IRA. O diagnóstico das infecções virais auxilia no manejo clínico dos casos de IRA, evitando desta forma, o uso desnecessário de antibioticoterapia ao tratamento dessas infecções.

Palavras-chave: IRA Vírus respiratórios Vigilância

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103213>

PERFIS GENOTÍPICOS DE VIRULÊNCIA RELACIONADOS A INVASIVIDADE DAS CEPAS DE NEISSERIA GONORRHOEAE EM PACIENTES DO HOSPITAL DAS CLÍNICAS DA FACULDADE DE MEDICINA DA UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO

Jose Victor Bortolotto Bampi*, Igor Carmo Borges, Ana Paula Barboza, Saidy Liceth Vásconez Noguera, Marina Farrel Cortês, Ester Cerdeira Sabino, Sílvia Figueiredo Costa

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

Introdução: As infecções causadas por *Neisseria gonorrhoeae* (Ng) ainda representam um desafio no enfrentamento das infecções sexualmente transmissíveis (ISTs) no mundo. Dentro do espectro de doenças causadas pela Ng, a doença gonocócica invasiva (DGI) representa a apresentação mais grave da infecção. O objetivo do presente estudo foi avaliar fatores genéticos bacterianos associados a ocorrência de DGI.

Metodologia: Nesta coorte retrospectiva, 25 amostras de Ng obtidas de pacientes do Hospital das Clínicas da FMUSP foram submetidas a sequenciamento completo do genoma. Dados clínicos foram obtidos dos prontuários médicos. O sequenciamento foi realizado utilizando as plataformas Ion Torrent ou MiSeq Illumina. As sequências genéticas encontradas foram analisadas utilizando as ferramentas MLSTfinder 2.0, ResFinder 4.0, Comprehensive Antibiotic Resistance Database Card, Virulence Factor Database e Basic Local Alignment Search Tool. Variáveis categóricas foram comparadas pelo teste exato de Fisher ou qui-quadrado, quando apropriado.

Resultados: A caracterização da origem do material de isolamento das cepas de Ng evidenciou que 28% eram anogenitais, 28% articulares, 32% oftálmicas e 12% de hemoculturas. Logo, 40% (n = 10) dos casos foram classificados como DGI por conta do isolamento bacteriano de sítios não estéreis. Não houve diferença entre os dados clínicos dos pacientes com ou sem DGI. Na avaliação filogenética, houve agrupamento de cepas de DGI em um cluster diferente das cepas não DGI. Também identificamos que dois elementos genéticos móveis foram mais frequentemente encontrados em amostras DGI comparado a amostras não DGI, os plasmídeos pEP5289 (80% vs. 13%, p = 0,002) e pJD4 (50% vs. 7%, p = 0,023).

Conclusão: Identificamos a presença de dois elementos genéticos móveis presentes no genoma da Ng possivelmente associados a invasividade da doença causada por este agente. Esse achado reforça a hipótese que fatores genéticos relacionados ao patógeno podem influenciar a ocorrência de DGI.

Palavras-chave: *Neisseria gonorrhoeae* Infecções sexualmente transmissíveis Virulência Sequenciamento genômico

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103214>

PIELONEFRITE XANTOGRANULOMATOSA COMPLICADA COM FÍSTULA DUODENAL DE ALTO DÉBITO: RELATO DE CASO

Bárbara Alice de Sousa Gomes^{a,*}, Hélio Ranes de Menezes Filho^a, Regyane Ferreira Guimarães Dias^a, Yohan Dallazen Oliveira^a, Isadora de Sousa Gomes^b

^a Universidade Federal de Jataí (UFJ), Jataí, GO, Brasil;

^b Pontifícia Universidade Católica de Goiás (PUC Goiás), Goiânia, GO, Brasil

A pielonefrite xantogranulomatosa (PNX) é uma infecção crônica rara que resulta em destruição do parênquima renal e fibrose, sendo responsável por apenas 1% dos casos de pielonefrite. Ocorre predominantemente em mulheres com idade entre 50-60 anos. Sua apresentação clínica e laboratorial é inespecífica, mas possui evolução grave e necessita de tratamento cirúrgico. Devido sua singularidade, o caso em questão demonstra merecido destaque. Paciente do sexo feminino, 35