

da UTIN. Foram notificados, entre dezembro de 2022 e junho de 2023, nove casos de EN, dos quais sete foram prematuros de IG variando entre 27,4 e 36,7 semanas e peso ao nascer entre 615 e 4050g. Ademais, quatro dos pacientes são gêmeos, cuja IG varia entre 27,4 e 30 semanas, e predominantemente classificados com extremo baixo peso ao nascer. O desfecho de óbito ocorreu em cinco prematuros com idade gestacional igual ou menor a 30 semanas, de extremo baixo peso ao nascer ou muito baixo peso ao nascer, sendo apenas um deles relacionado a outras causas diferentes da EN. Dentre os óbitos, também foi notado o quadro de sepse ou infecção pré-diagnóstico de EN em 80% dos casos. A prematuridade com baixa IG e baixo peso ao nascer se revelaram como os fatores de risco preponderantes associados aos quadros de EN, especialmente naqueles associados a sepse. Outros fatores, como uso de fórmula artificial ou cirurgia abdominal não se mostraram tão importantes para um desfecho negativo nos casos analisados. A gemelaridade, apesar de não ser um fator de risco, está relacionada ao parto prematuro, o que pode indicar a relação com o alto número de casos de EN em gêmeos. A análise dos dados e o diagrama de Ishikawa sobre o surto possibilitaram um plano de ação para prevenção de novos casos, intervenção via visitas técnicas e educação permanente para os profissionais da UTIN, objetivando prevenir a sepse neonatal anterior à EN, intervindo no principal fator de risco prevenível.

Palavras-chave: Sepse neonatal, Enterocolite necrotizante, UTI, Neonatal, Óbito neonatal, Surto

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103362>

EPIDEMIOLOGIA MOLECULAR DE KLEBSIELLA PNEUMONIAE MULTIDROGA RESISTENTE EM HOSPITAIS TERCIÁRIOS NO ESTADO DE PERNAMBUCO

Paula Mariana Salgueiro de Souza^{c,*},
Jonas de Melo Silvestre da Silva^c,
Rodrigo Tenório Gomes Pereira^c,
Lara Valesca Mendonça da Costa Santos^b,
Laís Guedes de Santana^b,
Michelly Maria Pereira e Oliveira^c,
Ana Caroline Oliveira Alves Ribeiro^a,
Márcia Maria Camargo Morais^c,
Anna Carolina Soares Almeida^b

^a Universidade Federal Fluminense (UFF), Niterói, RJ, Brasil;

^b Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, PE, Brasil;

^c Universidade de Pernambuco, Recife, PE, Brasil

Introdução/Objetivo: *Klebsiella pneumoniae* é um patógeno oportunista, responsável por causar diversas infecções relacionadas a assistência à saúde. A disseminação de cepas dessa espécie com fenótipo de resistência a múltiplas drogas, tornou-se uma ameaça global, o que faz da vigilância epidemiológica uma abordagem crítica para estimar e combater este fenômeno. Esse estudo analisou os mecanismos de resistência e disseminação de isolados clínicos de *K. pneumoniae* do estado de Pernambuco, Brasil.

Métodos: Os isolados foram coletados em dois hospitais da rede pública de saúde de Pernambuco localizados no Sertão e na região metropolitana do Recife, durante 12 meses. A relação filogenética foi analisada por ERIC-PCR (*Enterobacterial Repetitive Intergenic Consensus – Polymerase Chain Reaction*) e as sequências tipo foram determinadas por *Multi Locus Sequence Typing* (MLST). Os padrões de ERIC foram analisados pelo software PyElph e agrupados por Neighbor Joining. Os determinantes de resistência aos betalactâmicos, quinolonas e aminoglicosídeos foram investigados por PCR convencional e, posteriormente, sequenciados para determinação do perfil alélico e análise de mutações em genes constitutivos associados à resistência a essas drogas. As proteínas de membrana externa (OMPs) das cepas resistentes às cefalosporinas e carbapenêmicos foram avaliadas por SDS-PAGE (*Sodium Dodecyl Sulfate-PolyAcrylamide Gel Electrophoresis*).

Resultados: As análises moleculares de 49 isolados de *K. pneumoniae* indicaram uma disseminação policlonal de cepas resistentes, de *Sequence Types* mundialmente disseminados, como ST15 e ST11, carreando mecanismos de resistência aos betalactâmicos, aminoglicosídeos e quinolonas. Genes que codificam determinantes de resistência às penicilinas e cefalosporinas, como as betalactamases blaTEM, blaSHV e blaCTX e aos carbapenêmicos (blaKPC-2 e blaNDM-1), foram predominantes. A resistência às quinolonas nos isolados foi mediada por mutações na Região Determinante de Resistência à Quinolonas dos genes *gyrA* e *parC* e pela presença de genes plasmidiais *qnrB-1* e *qnrS-6*. A análise das OMPs por SDS-PAGE indicou uma menor produção de OmpK36 nas cepas resistentes a pelo menos um carbapenêmico.

Conclusão: A predominância policlonal de bactérias resistentes no ambiente hospitalar, oportuniza a disseminação horizontal da resistência e o surgimento de linhagens com acúmulo de mecanismos, sinalizando para falhas nas práticas de higienização das unidades de saúde.

Palavras-chave: Resistência bacteriana a antibióticos, Genética bacteriana, Vigilância epidemiológica

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103363>

ESPECTROSCOPIA DE INFRAVERMELHO COM TRANSFORMADA DE FOURIER (FT-IR) PARA SOROTIPAGEM DE ISOLADOS CLÍNICOS DE STREPTOCOCCUS PNEUMONIAE: ESTUDO PILOTO

Luiza Souza Rodrigues^{c,*}, Christian de Alencar Siebra^d,
Damaris Krul^c, Sthefany Nascimento da Luz^a,
Sabrina da Conceição Barbosa^d,
Tháís Muniz Vasconcelos^c, Fábio de Araújo Motta^b,
Liberia Maria Dalla Costa^c

^a Faculdades Pequeno Príncipe (FPP), Curitiba, PR, Brasil;

^b Hospital Pequeno Príncipe, Curitiba, PR, Brasil;

^c Instituto de Pesquisa Pelé Pequeno Príncipe, Curitiba, PR, Brasil;

^d Laboratório Central do Estado do Paraná, Curitiba, PR, Brasil

Introdução/Objetivo: Infecções por *Streptococcus pneumoniae* estão entre as principais causas de morbidade e