

mortalidade em todo o mundo, sendo este o principal agente etiológico de pneumonia bacteriana em crianças. Considerando que os diferentes sorotipos possuem particularidades quanto à ocorrência, virulência e perfil de resistência aos antimicrobianos, com impacto no manejo da Doença Pneumocócica Invasiva (DPI), conhecer a epidemiologia local torna-se fundamental. Este é um estudo piloto para validar a sorotipagem pneumocócica por tecnologia emergente, prospectando uma alternativa rápida e de fácil execução à técnica fenotípica clássica, reação de Quellung.

Métodos: Neste estudo piloto, foi criado um banco de dados com 48 isolados clínicos de *Streptococcus pneumoniae* (testados em triplicata, 144 espectros) de pacientes pediátricos com DPI atendidos em hospital pediátrico terciário no sul do Brasil entre 2016–2022. Os isolados foram identificados por método proteômico (MALDI-TOF MS), testados pela reação de Quellung para determinação do sorotipo para que, então, a tipagem capsular baseada em espectroscopia FT-IR (IR-Biotyper, Bruker) fosse realizada. Os espectros adquiridos foram utilizados para análise de agrupamento hierárquico com a criação de dendrogramas e para treinar um modelo de rede neural artificial (ANN).

Resultados: Do total de *S. pneumoniae*, 62,5% foram isolados de sangue, 20,8% de líquido, 14,6% de líquido pleural e 2,1% de líquido ascítico; os quais contemplavam os sorotipos 3, 6C, 7C, 7F, 9N, 10A, 15B, 16F, 18C, 19A, 22F, 23A, 23B e 33F, sendo 19A (45,8%) e 6C (18,8%) prevalentes. Os isolados clusterizaram de acordo com os sorotipos identificados pela reação de Quellung, porém, exceções foram observadas, provavelmente associadas ao baixo número de isolados representando tais sorotipos. A ANN apresentou acurácia de 100%, demonstrando potencial para prever sorotipos pneumocócicos desconhecidos.

Conclusão: O IR-Biotyper tem se mostrado uma ferramenta promissora para a identificação fenotípica dos sorotipos de *S. pneumoniae*, porém é necessário a obtenção de dados mais robustos por meio da ampliação do número de isolados dos diversos sorotipos. A validação desta tecnologia vai permitir o monitoramento dos sorotipos circulantes nos casos de DPI, contribuindo para um melhor entendimento de suas implicações clínicas e epidemiológicas, impactando positivamente o manejo dos pacientes e o estudo de eficácia das vacinas.

Palavras-chave: *Streptococcus pneumoniae*, Doença pneumocócica sorotipos, IR-Biotyper pediatria

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103364>

ESTRATÉGIAS PARA REDUÇÃO DOS CASOS DE CLOSTRIDIODES DIFFICILE NA UNIDADE DE TERAPIA INTENSIVA: ABORDAGEM MULTIFATORIAL

Luciana Rodrigues da Silva*,
Leonardo Barbosa Rodrigues,
Fabiana da Silva Vasques, Vitor Luis Silva,
Cinthia Nazário de Oliveira, Marcos Soares Tavares,
Edson Abdala, Camila Silva Bicalho

Hospital DASA Nove de Julho, São Paulo, SP, Brasil

Introdução/Objetivo: *Clostridioides Difficile* (CD) é um bacilo Gram positivo, formador de esporos, anaeróbio, amplamente distribuído no trato intestinal de humanos, animais e no meio ambiente. A infecção por CD (CDI) é uma das principais causas de diarreia relacionada à assistência à saúde, mas também está cada vez mais presente na comunidade. Aproximadamente 5% de adultos e 15% a 70% das crianças são colonizados por CD, e a prevalência de colonização é maior em pacientes hospitalizados. Na literatura uma revisão sistemática evidenciou que a densidade de diarreia por CD é de 0,35 casos para cada 1.000 pacientes-dia por ano e estas infecções aumentam o custo e o tempo de permanência hospitalar. O objetivo do estudo foi reduzir o número de casos de CDI em uma Unidade de Terapia Intensiva adulto (UTI).

Métodos: Trata-se de um estudo prospectivo de intervenção quase experimental, realizado em uma UTI adulto no hospital privado de alta complexidade na cidade de São Paulo. A UTI contempla 25 leitos, sendo 8 em quartos privativos e 17 leitos em estrutura de salão com divisórias de cortina, com média mensal de 638 pacientes-dia. Entre março e maio/2022 foi identificado um aumento dos casos de CDI e foram implementadas medidas para mitigação dos casos.

Resultados: No período da intervenção 100% dos leitos da UTI foram limpos com produto a base de cloro. Foi realizado treinamento lúdico dos colaboradores com adesão de 100% e reorientados da sinalização do leito com as placas de precauções. A densidade Incidência (DI) de CDI no período de março a maio foi de 2,62 casos por 1000 pacientes-dia após a intervenção no período de junho a dezembro/2022 a DI CDI foi de 0,0 casos por 1000 paciente-dia, com uma redução de risco absoluto de -0,0005 (95% IC -0,0030 a 0,0004).

Conclusão: Uma abordagem multifatorial junto a equipe multidisciplinar de forma estruturada demonstrou-se aplicável e efetivo na redução e manutenção da densidade de incidência zero para os casos de *Clostridioides difficile*.

Palavras-chave: *Clostridioides difficile*, Infecção por *Clostridioides difficile*, Unidade de Terapia Intensiva CDI

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103365>

FATORES DE RISCO PARA DESENVOLVIMENTO DE INFECÇÕES RELACIONADAS À ASSISTÊNCIA À SAÚDE EM PACIENTES COLONIZADOS POR MICRO-ORGANISMOS MULTIDROGA RESISTENTES INTERNADOS EM UNIDADES DE TERAPIA INTENSIVA

Daniela Anderson da Silva*,
Ricardo de Souza Cavalcante,
Flávia Dias Alcântara de Oliveira,
Bruno Cardoso de Macedo, Jonas Atique Sawazaki,
Douglas Otomo Duarte, Flávio Pasa Brandt,
Matheus Soares Baracho Ramos,
Patrik Nepomuceno Pereira,
Sebastião Pires Ferreira Filho, Talita Cabrera Corrêa,
Wagner José Sousa Carvalho

Faculdade de Medicina de Botucatu (FMB) – Universidade Estadual Paulista (UNESP), Botucatu, SP, Brasil

Introdução/objetivo: Estudos prévios identificaram que pacientes internados em Unidades Terapia Intensiva (UTI) e colonizados por Micro-Organismos Multidroga-Resistentes (MDRO) apresentam risco aumentado de desenvolver Infecções Relacionadas à Assistência à Saúde (IRAS) por estes mesmos agentes. Este estudo teve o objetivo de avaliar fatores de risco para o desenvolvimento de IRAS em pacientes sabidamente colonizados por MDRO e internados em UTI.

Métodos: Entre janeiro e junho de 2023, todos os pacientes internados há mais 48 horas em UTI clínica, cirúrgica, neurológica e cardiológica do Hospital das Clínicas da Faculdade de Medicina de Botucatu foram submetidos semanalmente a coleta de swab oral, nasal e retal para identificação de colonizados. Todos eles foram avaliados quanto a presença de IRAS durante 30 dias, seguindo os critérios da Agência Nacional de Vigilância Sanitária de 2023, pela Comissão de Controle de IRAS da instituição. O método de regressão proporcional de Cox foi utilizado para avaliar os fatores de risco para desenvolvimento de IRAS entre os colonizados por MDRO, tanto em análise bivariada quanto múltipla, considerando-se significativos valores de p inferiores a 0,05.

Resultados: Foram identificados 127 pacientes colonizados. Enterobactérias resistentes a carbapenêmicos foram os agentes mais prevalentes de colonização (48,0%), seguido de *Pseudomonas aeruginosa* (15,0%) e complexo *Acinetobacter baumannii/calcoaceticus* (11,8%). Vinte e dois (17,3%) pacientes desenvolveram IRAS (densidade de incidência – DI=4,07/1000 pacientes-dia), com mediana de tempo entre colonização-infecção de 3 dias (2–16). Pneumonia associada à ventilação mecânica foi a infecção com maior DI (1,29/1000 pacientes-dia), seguida de traqueíte (1,11/1000 pacientes-dia), infecção do trato urinário associado à sondagem vesical de demora e infecção de pele e partes moles, ambas com DI=0,55/1000 pacientes-dia. Foram identificados como fatores independentes associados ao desenvolvimento de IRAS em pacientes colonizados por MDRO: escore de Charlson (Hazard Ratio – HR=1,21 [95% IC 1,04–1,40], $p=0,01$), uso de nutrição parenteral (HR=5,72 [95% IC 1,47–22,24], $p=0,01$) e uso prévio de polimixinas (HR=6,22 [95% IC 1,79–21,59], $p=0,004$).

Conclusão: Este estudo demonstra que a gravidade do paciente, uso de nutrição parenteral e tratamento antimicrobiano com polimixinas aumentam o risco de desenvolvimento de infecção em pacientes colonizados por MDRO internados em UTI.

Palavras-chave: Colonização, Infecção relacionada a assistência micro-organismos resistentes

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103366>

GENÔMICA COMPARATIVA DE ISOLADOS CLÍNICOS DE PSEUDOMONAS AERUGINOSA RESISTENTES À COLISTINA

Bruno Luigi Bertuccelli^{a,*},
Paula Mariana Salgueiro de Souza^b,
Ingrid Aparecida Pereira da Silva^b,
Anna Carolina Soares Almeida^a

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

^b Universidade de Pernambuco, Recife, PE, Brasil

Introdução/Objetivo: *Pseudomonas aeruginosa* é um patógeno oportunista comumente reportado como causador de infecções em ambientes hospitalares, cujo tratamento está se tornando mais desafiador devido a sua emergência como patógeno Multirresistente (MDR). A colistina é um antibiótico de último recurso usada contra cepas MDR de *P. aeruginosa*. No entanto, com o aumento do uso de polimixinas, o surgimento de isolados de *P. aeruginosa* resistentes a essas drogas tem sido cada vez mais relatado em todo o mundo. Com base nesse contexto, esse estudo objetivou realizar uma comparação entre genomas de *P. aeruginosa* resistentes a colistina.

Metodologia: Este estudo foi realizado a partir da comparação de 46 genomas de *P. aeruginosa*, sendo 40 deles obtidos através do banco de dados do NCBI e 5 genomas, de isolados clínicos de *P. aeruginosa* resistentes a colistina provenientes dos serviços de microbiologia dos laboratórios de dois hospitais públicos da cidade do Recife/PE. As sequências foram analisadas com as ferramentas Geneious Prime[®] (Biomatters), MEGA (Molecular evolutionary genetics analysis) e BUSTED para alinhamento e análise comparativa, construção de árvores filogenéticas e busca por evidências de seleção positiva de 4 Sistemas de dois componentes (PhoPQ, PmrAB, ParRS, CprRS) presentes nas cepas de *P. aeruginosa* analisadas e previamente relacionados com a resistência a Colistina. A cepa PA01 foi utilizada como referência.

Resultados: Foi possível identificar SNPs importantes para a aquisição da resistência. Os genes responsáveis pela regulação (pmrA, phoP, parR, cprR) mostraram-se nos grupos de isolados resistentes mais consistentes quando comparados com os codificadores de histidina quinase. Os genes pmrB, parS e cprS, tiveram um número elevado de substituições pontuais quase sempre encontradas em cepas resistentes. As árvores filogenéticas demonstraram o mesmo caminho evolutivo para aquisição da resistência.

Conclusão: Não foi possível identificar SNPs de destaque em um dos TCSs dentre os demais em relação a resistência a Colistina. Os genes responsáveis pela codificação da proteína histidina quinase sofreram mais mutações que podem impactar a sua função, em relação aos seus complementos reguladores. As linhagens devem ter sofrido o mesmo caminho evolutivo, em um fenômeno de convergência adaptativa, como uma resposta à pressão seletiva imposta pela presença do antimicrobiano.

Palavras-chave: Resistência bacteriana a antibióticos, Bioinformática, Genética bacteriana

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103367>

GENES DE RESISTÊNCIA AOS CARBAPENÊMICOS EM ISOLADOS CLÍNICOS DE DIFERENTES ESPÉCIES DA ORDEM ENTEROBACTERIALES PROVENIENTES DE PACIENTES DE UM HOSPITAL DE RECIFE-PE

Lamartine Rodrigues Martins*,
Maria Izabely Silva Pimentel, Érica Maria de Oliveira,
Elizabeth Maria Bispo Beltrão,
Ana Catarina Souza Lopes

Universidade Federal de Pernambuco (UFPE), Recife, PE, Brasil