

vespertina e lesões violáceas em placas fistulizadas em membros inferiores e antebraço direito. Com a identificação de *Mycobacterium kansasii* tem-se o diagnóstico de micobacteriose disseminada, e trocou-se o tratamento para RH, etambutol, amicacina e claritromicina, conforme manual do Ministério da Saúde para o tratamento de micobacterioses não tuberculosas. Este trabalho é válido para demonstrar a dificuldade e a importância da identificação correta da espécie de micobactéria para o seu adequado tratamento, assim como a importância de se realizar todas as triagens para doenças infecciosas pré tratamento com imunossuppressores e manutenção da vigilância sobre os pacientes usuários dessas medicações

**Palavras-chave:** mycobacterium kansasii micobacteriose disseminada micobactéria não tuberculosa

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103637>

### MICOBACTÉRIAS NÃO TUBERCULOSAS EM PACIENTES COM FIBROSE CÍSTICA: SÉRIE DE CASOS

Ana Paula Freitas Bahiados Santos\*,  
Ana Carolina de Oliveira Mota,  
Betânia Andrade Araújo de Sousa,  
Fernanda Guioti Puga, Cinara Silva Feliciano

Hospital das Clínicas da Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo (USP), Ribeirão Preto, SP, Brasil

As micobactérias não tuberculosas (MNT) são um grupo heterogêneo de espécies, e podem ser patogênicas ou não. Elas estão associadas a doença pulmonar em pacientes com lesão parenquimatosa estrutural. Assim, pacientes com fibrose cística (FC) têm risco aumentado de infecção por esses agentes, sendo o complexo *Mycobacterium avium* e *M. abscessus* os mais prevalentes. O objetivo deste relato é apresentar três casos da associação dessas condições. Todos os casos iniciaram a investigação para MNT devido a persistência das queixas respiratórias de base, apesar de tratamentos de exacerbações bacterianas. Caso 1: mulher, 25 anos, com tomografia computadorizada (TC) de tórax demonstrando focos de bronquiectasias e impactação mucoide nas porções posteriores dos campos pulmonares e nódulos com vidro fosco ao redor. Foi isolado em duas culturas de escarro *M. intracellulare*. Em tratamento com rifampicina, claritromicina e etambutol, com melhora expressiva dos sintomas. Caso 2: homem, 18 anos, com TC de tórax demonstrando imagens cavitárias pulmonares. Foi isolado *M. intracellulare* em três amostras de escarro e iniciado rifampicina, claritromicina e etambutol, sendo posteriormente substituídos por ciprofloxacino, azitromicina e etambutol devido a interação medicamentosa com medicações de uso contínuo. Caso 3: mulher, 23 anos, com TC de tórax demonstrando bronquiectasias centrais esparsas e bilaterais, com impactação mucóide e opacidades centrolobulares. Isolado *M. intracellulare* em duas amostras e *M. abscessus* também em duas amostras. Paciente com má adesão ao tratamento. A doença pulmonar por MNT é uma condição subdiagnosticada devido a baixa suspeição clínica, concomitância de infecções bacterianas e necessidade de meios de

cultura específicos, pouco disponíveis na maioria dos serviços. No entanto, têm alto impacto na morbimortalidade de pacientes com FC. A taxa de prevalência média de MNT nesses pacientes variou de 9% a 13%, sendo as maiores taxas em estudos mais recentes. Algumas hipóteses para esse aumento incluem mudanças nas estratégias de vigilância, mudanças na microbiota pulmonar devido ao uso de antibióticos e falha da autofagia das MNT por macrófagos quando há exposição prolongada à azitromicina. Achados clínicos e tomográficos não são altamente sugestivos e muitas vezes podem ser considerados secundários a exacerbações bacterianas. Assim, há necessidade de manter vigilância microbiológica nos pacientes com FC.

**Palavras-chave:** Micobactérias não tuberculosas fibrose cística diagnóstico prevalência

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103638>

### MICOBACTÉRIAS NÃO-TUBERCULOSAS: ESTUDO DE PREVALÊNCIA EM UM HOSPITAL TERCIÁRIO NO SUL DO BRASIL

William Latosinski Matos\*, Patricia Orlandi Barth,  
Alessandra Helena da Silva Hellwig,  
Grazielle Motta Rodrigues, Luciana Giordani,  
Denise Maria Cunha Willers, Viviane Horn de Melo,  
Juliana Bergmann,  
Maria Cristina de Oliveira Amaro Ritter,  
Claire Beatriz Soares, Dariane Castro Pereira,  
Rodrigo Minuto Paiva, Afonso Luis Barth

Hospital de Clínicas de Porto Alegre (HCPA), Porto Alegre, RS, Brasil

**Introdução/objetivo:** Micobactérias não-tuberculosas (MNT) são microrganismos ubíquos mas que podem causar uma série de infecções, principalmente pulmonares e em pacientes imunocomprometidos. Estudos sugerem que infecções por estes microrganismos têm aumentado nas últimas décadas: a prevalência estimada passou de 2,4 casos/100.000 em 1980 para 15,2 casos/100.000 em 2013 nos EUA. O objetivo deste estudo foi avaliar a epidemiologia das MNT em nossa instituição, bem como avaliar a performance do sequenciamento parcial do gene *hsp65* para identificação das espécies de MNT.

**Métodos:** Foi realizado um estudo retrospectivo de janeiro a dezembro de 2022. Os isolados foram identificados por MALDI-TOF VITEK® MS (bioMérieux, França), e o sequenciamento do gene *hsp65* foi realizado pela técnica de Sanger. A identificação foi feita por comparação da sequência obtida com sequências depositadas no GenBank®. Além disso, foi realizada avaliação interlaboratorial.

**Resultados:** No período do estudo, foram realizadas 2415 culturas de micobactérias, provenientes de 1845 pacientes. Desses, 6,45% (n = 119) dos pacientes apresentaram cultura positiva para micobactérias, entre as quais 29% (n = 35) foram positivas para MNT. As culturas positivas para MNT foram majoritariamente de material respiratório (97%) e as espécies mais frequentes foram, respectivamente: *M. goodii* (n = 10), Complexo *M. abscessus* (n = 8), *M. chelonae* (n = 4), Complexo *M. avium* (n = 4), *M. kansasii* (n = 2), Complexo *M.*

fortuitum (n = 2), e apenas 1 das espécies: *M. cosmeticum*, *M. celatum*, *M. lentiflavum*, *M. mucogenicum* e *M. scrofulaceum*. Para avaliação do gene *hsp65*, foram testadas amostras em duplicata de culturas positivas para *M. gordonae*, *M. kansasii*, Complexo *M. abscessus*, Complexo *M. tuberculosis* cepa H37rv e *Mycobacterium mucogenicum*. Após as análises, todas as amostras apresentaram similaridade de 100% quando comparadas com sequências no GenBank®, com exceção da amostra de *Mycobacterium mucogenicum* que apresentou similaridade de 96%. Todavia, na avaliação interlaboratorial e na comparação com os resultados obtidos no MALDI-TOF a concordância obtida foi de 100%.

**Conclusão:** MNT são patógenos oportunistas e a identificação rápida e precisa a nível de espécie é uma etapa importante para o sucesso do tratamento. A utilização do gene *hsp65* apresentou-se promissora, entretanto, demais espécies, sobretudo as mais prevalentes na nossa instituição, devem ser avaliadas visando a inclusão do ensaio no portfólio de exames.

**Palavras-chave:** Micobactérias não-tuberculosas Prevalência Sequenciamento Sanger Micobactéria Identificação

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103639>

#### MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS: ÍNDICE DE POSITIVIDADE E OTIMIZAÇÃO DA ROTINA LABORATORIAL COM USO DE XPRT® MTB/RIF ULTRA

Juliana Bergmann\*, William Latosinski Matos, Alessandra Helena da Silva Hellwig, Grazielle Motta Rodrigues, Viviane Horn de Melo, Luciana Giordani, Sofia Aquino Monteiro, Eduardo Wandame Gomez, Elisa Costabeber, Angela dos Santos Azevedo, Dariane Castro Pereira, Rodrigo Minuto Paiva, Afonso Luis Barth

Hospital de Clínicas de Porto Alegre (HCPA), Porto Alegre, RS, Brasil

**Introdução/objetivo:** Em 2022, segundo dados do Ministério da Saúde, cerca de 78 mil pessoas adoeceram por tuberculose (TB) no Brasil. A doença é causada por bactérias do Complexo *Mycobacterium tuberculosis*, altamente transmissível. O diagnóstico rápido de TB é fundamental para o evitar ou diminuir a transmissão inter pacientes e contaminações no ambiente hospitalar, bem como para o melhor prognóstico. Este estudo visou avaliar a positividade de TB e resistência à rifampicina, bem como comparar o turnaround time (TAT) para a liberação dos resultados, antes e após a implementação do sistema GeneXpert® (Cepheid, EUA), na rotina laboratorial de um hospital terciário do sul do Brasil.

**Métodos:** Estudo retrospectivo de Julho/2022 à Abril/2023. A pesquisa do complexo *Mycobacterium tuberculosis* (MTB) e a resistência à rifampicina (RIF) foi realizada através do kit Xpert® MTB/RIF Ultra (Cepheid, EUA). As amostras foram categorizadas em TB pulmonar e TB extrapulmonar. A análise de fluxo de trabalho foi realizada comparando os TATs dos testes realizados por qPCR, método in house (Julho/21 à Junho/22) e após a implementação do GeneXpert® (Julho/22 à Abril/23). A análise estatística foi realizada no software IBM® SPSS®

(v. 25.0). Foi realizado o teste de Kolmogorov-Smirnov para determinar a normalidade de distribuição, seguido de Mann-Whitney para comparação entre medianas.

**Resultados:** Foram realizados 1.090 testes, com positividade de 7,7% (n = 84). Desconsiderando-se testes em duplicidade, foram testados 800 pacientes, dos quais 8,4% (n = 67) foram positivos. Categorizando os casos por sítio de infecção, a positividade em TB pulmonar foi 79,1% (n = 53/67), TB extrapulmonar foi 14,9% (n = 10/67) e TB pulmonar e extrapulmonar simultaneamente foi 6,0% (n = 4/67). A resistência à RIF foi detectada em 4,5% (n = 3/67) dos testes positivos. A mediana de TAT anterior e após a implementação do sistema GeneXpert® foi de 73,9h (IIQ: 48,9-115,3) e 6,3h (IIQ: 4,0-20,5), respectivamente. Ficou demonstrado uma redução significativa (p < 0,001) de 79,3% no TAT do teste de TB na rotina laboratorial.

**Conclusão:** Observou-se um alto índice de positividade de TB pulmonar, sendo detectado casos positivos para sítios simultâneos. Ainda, a implementação da plataforma GeneXpert® impactou positivamente na rotina laboratorial, reduzindo o tempo de resposta na liberação de resultados que, por sua vez, contribuiu significativamente para as medidas de controle de infecção hospitalar e no prognóstico da doença.

**Palavras-chave:** Tuberculose, C. M. tuberculosis resistência à RIF, Teste rápido molecular

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103640>

#### O IMPACTO DAS MOVIMENTAÇÕES DE PRIVADOS DE LIBERDADE NA OCORRÊNCIA DE TUBERCULOSE EM UNIDADES PRISIONAIS DE MATO GROSSO DO SUL

Gabriela Felix Chaves Ferreira<sup>a,\*</sup>, Everton Ferreira Lemos<sup>b</sup>, Julio Henrique Rosa Croda<sup>c</sup>, Mariana Garcia Croda<sup>a</sup>

<sup>a</sup> Faculdade de Medicina (FAMED), Universidade Federal de Mato Grosso do Sul (UFMS), Campo Grande, MS, Brasil;

<sup>b</sup> Curso de Medicina, Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul (UEMS), Campo Grande, MS, Brasil;

<sup>c</sup> Fundação Oswaldo Cruz – Mato Grosso do Sul, Campo Grande, MS, Brasil

**Introdução/objetivo:** A tuberculose (TB) é uma doença infecciosa de grande impacto no Brasil e no mundo. A População Privada de Liberdade (PPL) compõe uma das subpopulações de alto risco para a infecção, cuja incidência, no Brasil, chega a ser 100 vezes maior que na população em geral. O presente estudo tem por objetivo analisar o impacto das movimentações da PPL na ocorrência da tuberculose em Mato Grosso do Sul.

**Métodos:** Trata-se de um estudo observacional, do tipo ecológico. Foram analisados três bases de dados, a saber: 1) Relação de pacientes com TB ativa dentro do sistema prisional de Mato Grosso do Sul, de janeiro de 2014 a maio de 2019 (N = 411), dados obtidos de um amplo projeto “The spatial scale of *M. tuberculosis* transmission in high-incidence environments”. 2) Consulta manual de movimentações de encarceramento em registros individuais no Sistema Integrado (SIAPEN), sendo localizados as movimentações dos