

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 XPERT® 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, contribui 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^{a,*}, Everton Ferreira Lemos^b, Julio Henrique Rosa Croda^c, Mariana Garcia Croda^a

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

^b Curso de Medicina, Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul (UEMS), Campo Grande, MS, Brasil;

^c 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