

Objetivo: Identificar fontes de contaminação para a elaboração de estratégias de diagnóstico e controle pela CCIH.

Metodologia: Fizemos a coleta de swabs de ambiente na UTI-B e enviamos o material para a empresa Neopropecta, que fez a identificação pelo sequenciamento do marcador genético rDNA 16S (v3-V4) de bactérias.

Resultado: Detectamos áreas com um grande número de sequências de várias espécies bacterianas. As principais fontes de contaminação foram bombas de infusão, régua de gases, grades das camas, monitores, respiradores e o local com maior contaminação foi um carro de alimentação com 1.060.976 sequências. A bactéria mais prevalente foi o *Acinetobacter solii* (392.167 sequências) e outras bactérias patogênicas foram detectadas, como *Salmonella enterica*, *Acinetobacter baumannii*, *Pseudomonas putida* e *Klebsiella oxytoca*.

Discussão/conclusão: A identificação dessas fontes de contaminação por sequenciamento genético mostrou-se eficiente na detecção de bactérias no ambiente e propiciou modificações nas rotinas de limpeza e criação de medidas educativas com vistas à redução e ao controle de infecção.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2018.10.147>

EP-086

INVESTIGAÇÃO POR SEQUENCIAMENTO GENÉTICO DE CONTAMINAÇÃO EM MÁQUINAS DE BANHO USADAS NAS UTIS DO HOSPITAL SANTA PAULA



Renata Braz Ralio, Greice Pereira da Silva, Nataly Thiago Santos, Claudio Roberto Gonzalez, Marcelo Mendonça

Hospital Santa Paula, São Paulo, SP, Brasil

Data: 18/10/2018 - Sala: TV 7 - Horário: 13:51-13:56 - Forma de Apresentação: E-pôster (pôster eletrônico)

Introdução: As máquinas para o banho de pacientes acamados em UTI oferecem segurança e economia no cuidado ao paciente crítico. Por terem áreas úmidas e reservatórios de água próprios, a CCIH julgou haver risco de contaminação e procedeu à investigação para sua validação.

Objetivo: Identificar o potencial de contaminação dessas máquinas e validar o seu uso com segurança para impedir a aquisição de IRAS por pacientes críticos.

Metodologia: Investigamos duas máquinas de banho usadas nas UTIs em 31 de agosto de 2017 pela coleta de swabs. Enviamos o material para a empresa Neopropecta, que fez a identificação pelo sequenciamento do marcador genético rDNA 16S (v3-V4) de bactérias.

Resultado: Detectamos que as duas máquinas de banho estavam contaminadas com um grande número de sequências de várias espécies bacterianas. A *Stenotrophomonas maltophilia* esteve presente nas duas máquinas. A máquina da UTI A apresentou contaminação por *Stenotrophomonas maltophilia* (42.998 sequências), *Sphingomonas paucimobilis* (35.705), *Acinetobacter nosocomialis* (19.212) e *Pseudomonas putida* (9.118). Na máquina da UTI-B identificamos *Acinetobacter calcoaceticus* (112.279 sequências), *Pseudomonas aeruginosa* (15.564), *Stenotrophomonas maltophilia* (10.646) e *Sphingomonas paucimobilis* (2.843).

Discussão/conclusão: A identificação dessas fontes de contaminação por sequenciamento genético mostrou-se eficiente na detecção de bactérias e propiciou modificações nas rotinas de limpeza e criação de medidas educativas para a redução e controle de infecção. Padronizou-se a limpeza das máquinas com produto à base de ácido peracético.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2018.10.148>

EP-087

SURTO HOSPITALAR DE VÍRUS SINCICIAL RESPIRATÓRIO EM UTI NEONATAL. QUAL O RISCO DE ADMITIR PACIENTES EXTERNOS?



Lais Bomediano Souza, Emanuella Ribeiro, Fernando Silva, Marinice Duarte Ponte, Roberto Carvalho, Elisa Teixeira Mendes

Pontifícia Universidade Católica de Campinas (PUC-Campinas), Campinas, SP, Brasil

Data: 18/10/2018 - Sala: TV 7 - Horário: 13:58-14:03 - Forma de Apresentação: E-pôster (pôster eletrônico)

Introdução: A bronquiolite viral aguda causada pelo vírus sincicial respiratório (VSR) pode ser uma manifestação de alta gravidade em pacientes de UTI-Neonatal. A ocorrência de um surto de VSR nesse grupo de risco está associada a vulnerabilidade dos recém-nascidos (RN) prematuros internados na unidade. A região metropolitana de Campinas registrou em 2017 uma epidemia de VSR no período sazonal. O hospital notificou um surto de 44 neonatos, 32 desses vindos infectados da comunidade.

Objetivo: Investigar o surto de VSR da UTI-Neonatal do hospital, comparar fatores de risco e prognóstico dos pacientes da comunidade com os infectados na instituição.

Metodologia: Coleta de dados a partir da avaliação de prontuários dos pacientes com lavado nasal positivo para VSR de abril a julho de 2017 no hospital e análise dos fatores clínicos, de gravidade e prognóstico dos dois grupos. Será feita análise estatística com qui-quadrado nas variáveis categóricas e t de Student para as variáveis contínuas, para comparar o grupo de RNs vindo da comunidade (externos) e infectados no hospital (internos). Foi considerado como significativo $p < 0,05$.

Resultado: Foram 44 pacientes com VSR no período, 32 externos e 12 internos. A idade gestacional média dos externos foi de 38 semanas e dois dias, enquanto a dos internos foi de 29 semanas e um dia ($p < 0,001$), dos 12 RNs internos 61% foram prematuros extremos ($p < 0,001$). O tempo de uso de ventilação mecânica e o tempo de internação foram maiores nos pacientes internos, ambos com significância estatística (0,03 e $< 0,001$ respectivamente). A presença de comorbidades foi de 100% nos pacientes internos e 3,1% nos externos ($p < 0,001$). Ocorreu um óbito associado a infecção no grupo dos pacientes internos (8,3%).

Discussão/conclusão: Pacientes provenientes da comunidade são, em sua maioria, nascidos a termo, sem comorbidades, e apresentaram evolução clínica mais favorável. Os neonatos infectados por VSR no hospital apresentam diversos fatores de risco para mau prognóstico, com 13,5% de mortalidade descritos na literatura. Portanto, é importante