**Introdução:** As infecções respiratórias agudas (IRAs) são um grupo diversificado de doenças infecciosas, que acometem o trato respiratório de crianças e adultos pelo mundo, sendo os agentes etiológicos mais comuns os vírus. Apresentam sintomas muitos semelhantes, dificultando o diagnóstico clínico correto, o que evidencia a grande importância do diagnóstico laboratorial.

**Objetivo:** Descrever o perfil etiológico dos casos de IRA ocorridos no estado do Acre, no período de janeiro de 2022 a maio de 2023

**Materiais e métodos:** Foram analisados 1207 espécimes clínicos (swab combinado ou aspirado de nasofaringe), coletados de pacientes com IRA de ambos os gêneros e diferentes faixas etárias. As amostras foram submetidas a extração de ácido viral nucléico viral utilizando kit comercial. O RNA viral foi analisado por reação em cadeia da polimerase em tempo real precedida de transcrição reversa (RT-qPCR) utilizando iniciadores específicos para 14 vírus diferentes, são eles: Adenovírus (AdV), Bocavírus (HBoV), Metapneumovirus (HMPV), Rinovírus (HRV), Parainfluenza 1 (PIV1), Parainfluenza 2 (PIV2), Parainfluenza 3 (PIV3), Coronavírus HKU1, Coronavírus 229E, Coronavírus OC43, Vírus Sincicial Respiratório (RSV), incluindo o vírus Influenza A e B (FluA/FluB), SARS-CoV-2 (SC2).

**Resultado:** No total de amostras analisadas, 513 mostraram-se positivas (pos) para um ou mais dos agentes investigados. Sendo 198 (16,40%) pos para HRV, FluA 59 (4,89%) pos, HMPV 50 (4,14%) pos, AdV 50 (4,14%) pos, HBoV 45 (3,73%) pos, PIV3 32 (2,65%) pos, HKU1 21 (1,74%) pos, NL63 13 (1,08%) pos, RSV 9 (0,74%) pos, SC2 8 (0,66%) pos, PIV2 8 (0,66%) pos, PIV1 7 (0,58%) pos, OC43 7 (0,58%) pos, 229E 6 (0,50%) pos. A faixa etária de 0 a 5 anos foi a mais acometida pela IRA com o agente viral em destaque o HRV. Quanto ao perfil de circulação a maior incidência dos vírus respiratórios teve presença do HRV sendo notada em desde jan/2022 a out/2022 tendo um pico em jun/2022 acompanhado do HMPV.

**Conclusão:** Nossos resultados evidenciaram a participação dos agentes virais na indução de IRA especialmente HRV, acometendo principalmente pacientes pediátricos. Corroborando assim, o papel do diagnóstico laboratorial na elucidação dos casos de IRA. O diagnóstico das infecções virais auxilia no manejo clínico dos casos de IRA, evitando desta forma, o uso desnecessário de antibioticoterapia ao tratamento dessas infecções.

**Palavras-chave:** IRA Vírus respiratórios Vigilância

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103213

## PERFIS GENOTÍPICOS DE VIRULÊNCIA RELACIONADOS A INVASIVIDADE DAS CEPAS DE NEISSERIA GONORRHOEAE EM PACIENTES DO HOSPITAL DAS CLÍNICAS DA FACULDADE DE MEDICINA DA UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO

Jose Victor Bortolotto Bampi*, Igor Carmo Borges, Ana Paula Barboza, Saidy Liceth Vásconez Noguera, Marina Farrel Cortês, Ester Cerdeira Sabino, Silvia Figueiredo Costa

*Universidade de São Paulo (USP), São Paulo, SP, Brasil*

**Introdução:** As infecções causadas por Neisseria gonorrhoeae (Ng) ainda representam um desafio no enfrentamento das infecções sexualmente transmissíveis (ISTs) no mundo. Dentro do espectro de doenças causadas pela Ng, a doença gonocócica invasiva (DGI) representa a apresentação mais grave da infecção. O objetivo do presente estudo foi avaliar fatores genéticos bacterianos associados a ocorrência de DGI.

**Metodologia:** Nesta coorte retrospectiva, 25 amostras de Ng obtidas de pacientes do Hospital das Clínicas da FMUSP foram submetidas a sequenciamento completo do genoma. Dados clínicos foram obtidos dos prontuários médicos. O sequenciamento foi realizado utilizando as plataformas Ion Torrent ou MiSeq Illumina. As sequências genéticas encontradas foram analisadas utilizando as ferramentas MLSTfinder 2.0, ResFinder 4.0, Comprehensive Antibiotic Resistance Database Card, Virulence Factor Database e Basic Local Alignment Search Tool. Variáveis categóricas foram comparadas pelo teste exato de Fisher ou qui-quadrado, quando apropriado.

**Resultados:** A caracterização da origem do material de isolamento das cepas de Ng evidenciou que 28% eram anogenitais, 28% articulares, 32% oftálmicas e 12% de hemoculturas. Logo, 40% (n = 10) dos casos foram classificados como DGI por conta do isolamento bacteriano de sítios não estéreis. Não houve diferença entre os dados clínicos dos pacientes com ou sem DGI. Na avaliação filogenética, houve agrupamento de cepas de DGI em um cluster diferente das cepas não DGI. Também identificamos que dois elementos genéticos móveis foram mais frequentemente encontrados em amostras DGI comparado a amostras não DGI, os plasmídeos pEP5289 (80% vs. 13%, p = 0,002) e pJD4 (50% vs. 7%, p = 0,023).

**Conclusão:** Identificamos a presença de dois elementos genéticos móveis presentes no genoma da Ng possivelmente associados a invasividade da doença causada por este agente. Esse achado reforça a hipótese que fatores genéticos relacionados ao patógeno podem influenciar a ocorrência de DGI.

**Palavras-chave:** Neisseria gonorrhoeae Infecções sexualmente transmissíveis Virulência Sequenciamento genômico

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103214

## PIELONEFRITE XANTOGRANULOMATOSA COMPLICADA COM FÍSTULA DUODENAL DE ALTO DÉBITO: RELATO DE CASO

Bárbara Alice de Sousa Gomes[a,*], Hélio Ranes de Menezes Filho[a], Regyane Ferreira Guimarães Dias[a], Yohan Dallazen Oliveira[a], Isadora de Sousa Gomes[b]

[a] *Universidade Federal de Jataí (UFJ), Jataí, GO, Brasil;*
[b] *Pontifícia Universidade Católica de Goiás (PUC Goiás), Goiânia, GO, Brasil*

A pielonefrite xantogranulomatosa (PNX) é uma infecção crônica rara que resulta em destruição do parênquima renal e fibrose, sendo responsável por apenas 1% dos casos de pielonefrite. Ocorre predominantemente em mulheres com idade entre 50-60 anos. Sua apresentação clínica e laboratorial é inespecífica, mas possui evolução grave e necessita de tratamento cirúrgico. Devido sua singularidade, o caso em questão demonstra merecido destaque. Paciente do sexo feminino, 35