Morbidade Hospitalar do SUS, segundo variáveis de sexo, idade, ano e região relacionadas ao número de internação e óbitos por sepse entre janeiro de 2018 e dezembro de 2022 no país. Aplicada estatística descritiva por meio do software Microsoft Excel.

Resultados: Entre 2018 a 2022, 660.247 pacientes foram internados e 299.859 foram a óbito devido a sepse no SUS. Ao longo dos anos, o número de casos aumentou 11% entre 2018-2019, reduziu 14% entre 2019–2020, reduziu 2,6% entre 2020–2021 e aumentou 30,8% de 2020–2022. A região sudeste representou 51% do total de internações durante o período do presente estudo e 55,2% dos óbitos. Em segundo lugar, encontra-se a região nordeste, concentrando 19,19% do número de internações, seguida pela região sul com 19,14% e pela região norte com 5,63%. Já, a região centro-oeste registrou os menores números, contando com 4,9% das internações e 4% dos óbitos. A faixa etária mais acometida foram os idosos a partir dos 60 anos, a qual correspondeu a 59% das internações e 74 % dos óbitos, sendo a maior taxa observada. A proporção de internações, bem como de óbitos, se aproximou da proporção 1:1 para ambos os sexos.

Conclusão: A região do Brasil com o maior número de internações por sepse foi o Sudeste. Já a região Centro-Oeste apresentou o menor número de internações no período analisado. Não houve diferenças de internações ou óbitos entre o sexo masculino e feminino e a faixa etária com maior vulnerabilidade foi a de idosos a partir de 60 anos. É importante ressaltar que os resultados apresentados neste estudo requerem maior aprofundamento epidemiológico, na medida em que a subnotificação das internações foi uma limitação.

Palavras-chave: Sepse , Óbito Internação , Manejo , Evolução

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103329

ANÁLISE GENÔMICA COMPARATIVA DE ISOLADOS CLÍNICOS DE STENOTROPHOMONAS MALTOPHILIA DE PACIENTES PEDIÁTRICOS

Luiza Souza Rodrigues[b,*], Danieli Conte[b], Dany Mesa[b], Damaris Krul[b], Gabriela Uessugui[b], Thaís Muniz Vasconcelos[b], Érika Medeiros dos Santos[a], Libera Maria Dalla Costa[b]

[a] *Hospital Pequeno Príncipe, Curitiba, PR, Brasil;*
[b] *Instituto de Pesquisa Pelé Pequeno Príncipe, Curitiba, PR, Brasil*

Introdução/Objetivo: *Stenotrophomonas maltophilia* é um patógeno oportunista emergente, intrinsicamente resistente à múltiplas drogas, tornando-se um desafio na prática clínica. O objetivo deste estudo foi determinar as características fenotípicas, genotípicas e a estrutura populacional de *S. maltophilia* isolados de pacientes pediátricos.

Métodos: Foram incluídos 30 isolados de pacientes atendidos entre 2016 e 2022, os quais foram identificados por método proteômico (MALDI-TOF MS, Bruker®), avaliados quanto ao perfil de suscetibilidade (microdiluição em caldo) e explorados quanto a diversidade genética a partir de dados de WGS (*Whole Genome Sequencing*).

Resultados: Do total, 56,7% foram isolados de sangue, 20% de amostras respiratórias e 23,3% de outros materiais. Seis microrganismos foram resistentes ao Sulfametoxazol/Trimetoprima (STX/TM), dois apresentaram concentração inibitória mínima (CIM) ≥8 ug/mL para levofloxacina e, 22, CIM ≥32 ug/mL para ceftazidima. A média do tamanho dos genomas foi de 4,7 Mb, ao longo dos quais, foram identificadas em média, 4.224 sequencias codificantes. A Análise de Identidade média de Nucleotídeos (ANI), útil para verificar a identidade taxonômica entre genomas, variou entre 91,14% e 99,98%, demonstrando elevada diversidade entre os isolados, uma vez que cepas de mesma linhagem apresentam ANI ≥95%. Na análise de MLST (*Multilocus Sequence Typing*), um total de 27 Sequências Tipo (STs) foram identificados, 12 delas inéditas e depositadas no pubMLST. Um total de 1.914 genes centrais (core genoma) e um amplo genoma acessório (17.840 genes) foram identificados, dados característicos de um pan-genoma aberto com potencial para adaptações. Entre os genes de resistência identificados (≥85% similaridade) destacaram-se: enzimas modificadoras de aminoglicosídeos, bombas de efluxo, beta-lactamases e de resistência a sulfonamida. Entre os isolados resistentes ao STX/TM, três apresentavam o gene sul1 identificado em plasmídeos.

Conclusão: A emergência da resistência ao STX/TM foi uma realidade na coleção de S. maltophilia de pacientes pediátricos, justificada pela presença do gene sul1 em plasmídeos conjugativos com potencial para disseminação da resistência para outros microrganismos. Além disso, foi observado um elevado grau de diversidade genética entre os isolados que foi possível de ser observada com o sequenciamento genômico e justifica cada vez mais seu uso na epidemiologia de microrganismos de interesse clínico.

Palavras-chave: *Stenotrophomonal maltophilia* , sul1 , Perfil de suscetibilidade , Plasmídeo , *Whole-Genome Sequencing*.

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103330

ANÁLISE GENÔMICA DE ACINETOBACTER BAUMANII RESISTENTE AOS CARBAPENÊMICOS ISOLADOS NA REGIÃO AMAZÔNICA: RESULTADOS DA PLATAFORMA GENERATE

Laysa de Souza Maia[d,*], Rosineide Vieira Góis[b], Mariana Pinheiro Alves Vasconcelos[c], Antonieta Ferreira Machado de Oliveira[e], Fernanda Carlos de Góis Oliveira[c], Taiana Carvalho de Souza[f], Wellington Pine Omori[f], Allan Silva[f], Tatiane Silva Carvalho[a], Myrna Lícia Gelle de Oliveira[d], Tiago Barcelos Valiatti[d,g]

[a] *Agência Estadual de Vigilância em Saúde de Rondônia, Porto Velho, RO, Brasil;*
[b] *Centro Universitário Aparício Carvalho, Porto Velho, RO, Brasil;*
[c] *Centro de Medicina Tropical de Rondônia, Porto Velho, RO, Brasil;*