da UTIN. Foram notificados, entre dezembro de 2022 e junho de 2023, nove casos de EN, dos quais sete foram prematuros de IG variando entre 27,4 e 36,7 semanas e peso ao nascer entre 615 e 4050g. Ademais, quatro dos pacientes são gemelares, cuja IG varia entre 27,4 e 30 semanas, e predominantemente classificados com extremo baixo peso ao nascer. O desfecho de óbito ocorreu em cinco prematuros com idade gestacional igual ou menor a 30 semanas, de extremo baixo peso ao nascer ou muito baixo peso ao nascer, sendo apenas um deles relacionado a outras causas diferentes da EN. Dentre os óbitos, também foi notado o quadro de sepse ou infecção pré-diagnóstico de EN em 80% dos casos. A prematuridade com baixa IG e baixo peso ao nascer se revelaram como os fatores de risco preponderantes associados aos quadros de EN, especialmente naqueles associados a sepse. Outros fatores, como uso de fórmula artificial ou cirurgia abdominal não se mostraram tão importantes para um desfecho negativo nos casos analisados. A gemelaridade, apesar de não ser um fator de risco, está relacionada ao parto prematuro, o que pode indicar a relação com o alto número de casos de EN em gêmeos. A análise dos dados e o diagrama de Ishikawa sobre o surto possibilitaram um plano de ação para prevenção de novos casos, intervenção via visitas técnicas e educação permanente para os profissionais da UTIN, objetivando prevenir a sepse neonatal anterior à EN, intervindo no principal fator de risco prevenível.

Palavras-chave: Sepse neonatal , Enterocolite necrotizante , UTI , Neonatal , Óbito neonatal , Surto

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103362

EPIDEMIOLOGIA MOLECULAR DE KLEBSIELLA PNEUMONIAE MULTIDROGA RESISTENTE EM HOSPITAIS TERCIÁRIOS NO ESTADO DE PERNAMBUCO

Paula Mariana Salgueiro de Souza[c,*],
Jonas de Melo Silvestre da Silva[c],
Rodrigo Tenório Gomes Pereira[c],
Lara Valesca Mendonça da Costa Santos[b],
Laís Guedes de Santana[b],
Michelly Maria Pereira e Oliveira[c],
Ana Caroline Oliveira Alves Ribeiro[a],
Márcia Maria Camargo Morais[c],
Anna Carolina Soares Almeida[b]

[a] *Universidade Federal Fluminense (UFF), Niterói, RJ, Brasil;*
[b] *Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, PE, Brasil;*
[c] *Universidade de Pernambuco, Recife, PE, Brasil*

Introdução/Objetivo: *Klebsiella pneumoniae* é um patógeno oportunista, responsável por causar diversas infecções relacionadas a assistência à saúde. A disseminação de cepas dessa espécie com fenótipo de resistência a múltiplas drogas, tornou-se uma ameaça global, o que faz da vigilância epidemiológica uma abordagem crítica para estimar e combater este fenômeno. Esse estudo analisou os mecanismos de resistência e disseminação de isolados clínicos de *K. pneumoniae* do estado de Pernambuco, Brasil.

Métodos: Os isolados foram coletados em dois hospitais da rede pública de saúde de Pernambuco localizados no Sertão e na região metropolitana do Recife, durante 12 meses. A relação filogenética foi analisada por ERIC-PCR (*Enterobacterial Repetitive Intergenic Consensus – Polymerase Chain Reaction*) e as sequências tipo foram determinadas por *Multi Locus Sequence Typing* (MLST). Os padrões de ERIC foram analisados pelo software PyElph e agrupados por Neighbor Joining. Os determinantes de resistência aos betalactâmicos, quinolonas e aminoglicosídeos foram investigados por PCR convencional e, posteriormente, sequenciados para determinação do perfil alélico e análise de mutações em genes constitutivos associados à resistência a essas drogas. As proteínas de membrana externa (OMPs) das cepas resistentes às cefalosporinas e carbapenêmicos foram avaliadas por SDS-PAGE (*Sodium Dodecyl Sulfate-PolyAcrylamide Gel Electrophoresis*).

Resultados: As análises moleculares de 49 isolados de *K. pneumoniae* indicaram uma disseminação policlonal de cepas resistentes, de *Sequence Types* mundialmente disseminados, como ST15 e ST11, carreando mecanismos de resistência aos betalactâmicos, aminoglicosídeos e quinolonas. Genes que codificam determinantes de resistência às penicilinas e cefalosporinas, como as betalactamases blaTEM, blaSHV e blaCTX e aos carbapenêmicos (blaKPC-2 e blaNDM-1), foram predominantes. A resistência às quinolonas nos isolados foi mediada por mutações na Região Determinante de Resistência à Quinolonas dos genes gyrA e parC e pela presença de genes plasmidiais qnrB-1 e qnrS-6. A análise das OMPs por SDS-PAGE indicou uma menor produção de OmpK36 nas cepas resistentes a pelo menos um carbapenêmico.

Conclusão: A predominância policlonal de bactérias resistentes no ambiente hospitalar, oportuniza a disseminação horizontal da resistência e o surgimento de linhagens com acúmulo de mecanismos, sinalizando para falhas nas práticas de higienização das unidades de saúde.

Palavras-chave: Resistência bacteriana a antibióticos , Genética bacteriana , Vigilância epidemiológica

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103363

ESPECTROSCOPIA DE INFRAVERMELHO COM TRANSFORMADA DE FOURIER (FT-IR) PARA SOROTIPAGEM DE ISOLADOS CLÍNICOS DE STREPTOCOCCUS PNEUMONIAE: ESTUDO PILOTO

Luiza Souza Rodrigues[c,*], Christian de Alencar Siebra[d],
Damaris Krul[c], Sthefany Nascimento da Luz[a],
Sabrina da Conceição Barbosa[d],
Thaís Muniz Vasconcelos[c], Fábio de Araújo Motta[b],
Libera Maria Dalla Costa[c]

[a] *Faculdades Pequeno Príncipe (FPP), Curitiba, PR, Brasil;*
[b] *Hospital Pequeno Príncipe, Curitiba, PR, Brasil;*
[c] *Instituto de Pesquisa Pelé Pequeno Príncipe, Curitiba, PR, Brasil;*
[d] *Laboratório Central do Estado do Paraná, Curitiba, PR, Brasil*

Introdução/Objetivo: Infecções por *Streptococcus pneumoniae* estão entre as principais causas de morbidade e

mortalidade em todo o mundo, sendo este o principal agente etiológico de pneumonia bacteriana em crianças. Considerando que os diferentes sorotipos possuem particularidades quanto à ocorrência, virulência e perfil de resistência aos antimicrobianos, com impacto no manejo da Doença Pneumocócica Invasiva (DPI), conhecer a epidemiologia local torna-se fundamental. Este é um estudo piloto para validar a sorotipagem pneumocócica por tecnologia emergente, prospectando uma alternativa rápida e de fácil execução à técnica fenotípica clássica, reação de Quellung.

Métodos: Neste estudo piloto, foi criado um banco de dados com 48 isolados clínicos de *Streptococcus pneumoniae* (testados em triplicata, 144 espectros) de pacientes pediátricos com DPI atendidos em hospital pediátrico terciário no sul do Brasil entre 2016–2022. Os isolados foram identificados por método proteômico (MALDI-TOF MS), testados pela reação de Quellung para determinação do sorotipo para que, então, a tipagem capsular baseada em espectroscopia FT-IR (IR-Biotyper, Bruker) fosse realizada. Os espectros adquiridos foram utilizados para análise de agrupamento hierárquico com a criação de dendrogramas e para treinar um modelo de rede neural artificial (ANN).

Resultados: Do total de *S. pneumoniae*, 62,5% foram isolados de sangue, 20,8% de líquor, 14,6% de líquido pleural e 2,1% de líquido ascítico; os quais contemplavam os sorotipos 3, 6C, 7C, 7F,9N, 10A, 15B, 16F, 18C, 19A, 22F, 23A, 23B e 33F, sendo 19A (45,8%) e 6C (18,8%) prevalentes. Os isolados clusterizaram de acordo com os sorotipos identificados pela reação de Quellung, porém, exceções foram observadas, provavelmente associadas ao baixo número de isolados representando tais sorotipos. A ANN apresentou acurácia de 100%, demonstrando potencial para prever sorotipos pneumocócicos desconhecidos.

Conclusão: O IR-Biotyper tem se mostrado uma ferramenta promissora para a identificação fenotípica dos sorotipos de *S. pneumoniae*, porém é necessário a obtenção de dados mais robustos por meio da ampliação do número de isolados dos diversos sorotipos. A validação desta tecnologia vai permitir o monitoramento dos sorotipos circulantes nos casos de DPI, contribuindo para um melhor entendimento de suas implicações clínicas e epidemiológicas, impactando positivamente o manejo dos pacientes e o estudo de eficácia das vacinas.

Palavras-chave: *Streptococcus pneumoniae* , Doença pneumocócica sorotipos , IR-Biotyper pediatria

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103364

ESTRATÉGIAS PARA REDUÇÃO DOS CASOS DE CLOSTRIDIOIDES DIFFICILE NA UNIDADE DE TERAPIA INTENSIVA: ABORDAGEM MULTIFATORIAL

Luciana Rodrigues da Silva*,
Leonardo Barbosa Rodrigues,
Fabiana da Silva Vasques, Vitor Luis Silva,
Cinthia Nazário de Oliveira, Marcos Soares Tavares,
Edson Abdala, Camila Silva Bicalho

Hospital DASA Nove de Julho, São Paulo, SP, Brasil

Introdução/Objetivo: *Clostridioides Difficile* (CD) é um bacilo Gram positivo, formador de esporos, anaeróbio, amplamente distribuído no trato intestinal de humanos, animais e no meio ambiente. A infecção por CD (CDI) é uma das principais causas de diarreia relacionada à assistência à saúde, mas também está cada vez mais presente na comunidade. Aproximadamente 5% de adultos e 15% a 70% das crianças são colonizados por CD, e a prevalência de colonização é maior em pacientes hospitalizados. Na literatura uma revisão sistemática evidenciou que a densidade de diarreia por CD é de 0,35 casos para cada 1.000 pacientes-dia por ano e estas infecções aumentam o custo e o tempo de permanência hospitalar. O objetivo do estudo foi reduzir o número de casos de CDI em uma Unidade de Terapia Intensiva adulto (UTI).

Métodos: Trata-se de um estudo prospectivo de intervenção quase experimental, realizado em uma UTI adulto no hospital privado de alta complexidade na cidade de São Paulo. A UTI contempla 25 leitos, sendo 8 em quartos privativos e 17 leitos em estrutura de salão com divisórias de cortina, com média mensal de 638 pacientes-dia. Entre março e maio/2022 foi identificado um aumento dos casos de CDI e foram implementadas medidas para mitigação dos casos.

Resultados: No período da intervenção 100% dos leitos da UTI foram limpos com produto a base de cloro. Foi realizado treinamento lúdico dos colaboradores com adesão de 100% e reorientados da sinalização do leito com as placas de precauções. A densidade Incidência (DI) de CDI no período de março a maio foi de 2,62 casos por 1000 pacientes-dia após a intervenção no período de junho a dezembro/2022 a DI CDI foi de 0,0 casos por 1000 paciente-dia, com uma redução de risco absoluto de -0,0005 (95% IC -0,0030 a 0,0004).

Conclusão: Uma abordagem multifatorial junto a equipe multidisciplinar de forma estruturada demostrou-se aplicável e efetivo na redução e manutenção da densidade de incidência zero para os casos de *Clostridioides difficile*.

Palavras-chave: *Clostridioides difficile* , Infecção por Clostridioides difficile , Unidade de Terapia Intensiva CDI

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103365

FATORES DE RISCO PARA DESENVOLVIMENTO DE INFECÇÕES RELACIONADAS À ASSISTÊNCIA À SAÚDE EM PACIENTES COLONIZADOS POR MICRO-ORGANISMOS MULTIDROGA RESISTENTES INTERNADOS EM UNIDADES DE TERAPIA INTENSIVA

Daniela Anderson da Silva*,
Ricardo de Souza Cavalcante,
Flávia Dias Alcântara de Oliveira,
Bruno Cardoso de Macedo, Jonas Atique Sawazaki,
Douglas Otomo Duarte, Flávio Pasa Brandt,
Matheus Soares Baracho Ramos,
Patrik Nepomuceno Pereira,
Sebastião Pires Ferreira Filho, Talita Cabrera Corrêa,
Wagner José Sousa Carvalho

Faculdade de Medicina de Botucatu (FMB) – Universidade Estadual Paulista (UNESP), Botucatu, SP, Brasil