

difusão, testando β -lactâmicos, fenicóis, macrolídeos, carbapenem, oxazolidinonas, furantoínas, tetraciclina, quinolonas, glicopeptídeos e aminoglicosídeos. Os resultados foram analisados com o software SPSS. **Resultados:** Tabela 1 apresenta a sensibilidade aos antimicrobianos pelo método de disco difusão de isolados de *E. faecium* obtidos de pacientes hospitalizados ($n = 38$) e do ambiente ($n = 14$); Tabela 2 demonstra o perfil de sensibilidade dos isolados clínicos de *E. faecium* resistentes à vancomicina (VREfm; $n = 30$) e sensíveis à vancomicina (VSEfm; $n = 8$), no qual os VREfm apresentam altas taxas de resistência a todos os ATM testados em comparação com os isolados VSEfm, exceto para gentamicina e cloranfenicol. A tabela 3 mostra os perfis de co-resistência à vancomicina, ampicilina, gentamicina e/ou estreptomicina entre os isolados clínicos de *E. faecium* ($n = 38$). **Discussão:** Observamos, na tabela 1, que ao todo foram avaliados 52 isolados de *E. faecium*, sendo 38 de origem clínica e 14 de origem ambiental. Nenhum isolado de origem ambiental apresentou resistência à ampicilina, estreptomicina, gentamicina e vancomicina. No entanto, 3 isolados obtidos de alface, batata e carne bovina apresentaram resistência intermediária à vancomicina (CIM de 8-16 ug/mL). Com relação aos demais ATM testados, as porcentagens de isolados resistentes foram baixas (0 a 7,1%). Por outro lado, o segundo perfil mostra que a maioria dos isolados clínicos apresentou resistência à ampicilina (73,7%), vancomicina (78,9%), gentamicina (18,4%) e estreptomicina (28,9%). As porcentagens de resistência aos demais ATMs foram todas mais altas que para os isolados ambientais, no entanto, diferenças significativas ($p < 0,05$) foram observadas apenas para os β -lactâmicos, glicopeptídeos, estreptomicina, norfloxacin e tetraciclina. Os perfis mais prevalentes foram os de resistência simultânea à vancomicina/ampicilina (36,8%) e à vancomicina/ampicilina/estreptomicina (23,7%). Vinte e cinco (65,8%) isolados clínicos não poderiam ser tratados com a combinação de agentes que atuam na parede celular (ampicilina e ou vancomicina) com os aminoglicosídeos. **Conclusão:** Os dados do presente estudo mostram que os VREfm apresentam comumente co-resistência à ampicilina embora a co-resistência aos aminoglicosídeos seja relativamente baixa.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2024.09.2139>

DETERMINANDO O VALOR DE REFERÊNCIA DA TÉCNICA DE HIBRIDAÇÃO IN SITU POR FLUORESCÊNCIA (FISH) EM NEOPLASIAS HEMATOLÓGICAS: HÁ NECESSIDADE DE 20 AMOSTRAS?

MFMD Santos, D Borri, RK Kishimoto, RMSO Safranauskas, MG Cordeiro, JG Silva, GSE Silva, JL Silva, EDRP Velloso

Sociedade Beneficente Israelita Brasileira Albert Einstein (SBIBAE), São Paulo, SP, Brasil

Objetivos: Hibridação *in situ* por fluorescência (FISH) é metodologia amplamente utilizada na rotina citogenética em neoplasias. Sondas comerciais, construídas para detectar rearranjos gênicos (sondas de dupla fusão, sondas de

ruptura), ganho e perda no número de cópias, auxiliam no diagnóstico e classificação de várias neoplasias hematológicas. A determinação dos valores de referência (VR) de cada sonda e em cada material é fundamental, sendo sugerido por consensos internacionais o uso de 20 amostras consideradas normais, o que pode ser bastante difícil e necessitar de validação “on going”. O objetivo deste trabalho é comparar o resultado do VR obtido utilizando 5 e 20 amostras. **Material e métodos:** Amostras de medula óssea foram processadas segundo procedimento operacional do laboratório de forma habitual e analisadas por dois analistas experientes contando 50 células cada, totalizando 100 núcleos por amostra. Foram analisadas sondas das marcas Cytocell e MetaSystems com construção de dupla fusão e duas cores (BCR/ABL1, CCND1/IGH, PML/RARA e CBF-MHY11), sondas de ruptura (PDGFRA, MYC, KMT2A, TLX1, MECOM) e sondas para deleção e ganho com duas ou três cores (5q, 7q, CDKN2A, TP53), segundo normas do fabricante. A leitura foi realizada em microscópio de fluorescência Axio Imager 2 (Zeiss) com filtros de emissão simples e triplo e captura das imagens realizada no software Isis (MetaSystems). Para determinar o VR foram utilizadas 5 amostras de medula óssea (MO) verdadeiramente negativas e 20 amostras de MO negativos da rotina, utilizando a fórmula BETA. $ACUM.INV$ do EXCEL (probabilidade em decimal; $\alpha = 1 +$ maior número de sinais positivos encontrados na leitura, $\beta =$ número de células analisadas, A e B em branco) com intervalo de confiança de 95%. **Resultados:** Os VR obtidos utilizando 5 e 20 casos foram respectivamente: para sondas de ruptura PDGFRA 1F1G (4.6%/4.6%), MYC (4.6%/4.6%), KMT2A (4.6%/4.6%) e TLX1 (6.0%/7.3%); sondas de fusão BCR/ABL1(2.9%/2.9%), CCND1/IGH(2.9%/2.9%), PML/RARA (2.9%/2.9%), CBF(2.9%/2.9%), MECOM(6.0%/6.0%) sondas de deleção 5q (6.0%/6.0%), 7q(4.6%/4.6%), CDKN2A(4.6%/6.0%), TP53 (7.3%/8.5%). **Discussão:** A determinação do VR em 13 diferentes sondas utilizando 5 e 20 controles normais não mostrou diferença, sugerindo que consensos nacionais e internacionais para procedimentos técnicos e de validação em FISH, como o do American College of Medical Genetics, mereçam revisão. **Conclusão:** Não foi observada diferença no VR entre os grupos de sinais para todas as sondas, sugerindo que 5 amostras normais é suficiente para determinação de VR a ser utilizado em rotina diagnóstica.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2024.09.2140>

INFECÇÃO POR CITOMEGALOVÍRUS EM PACIENTES COM MALIGNIDADES HEMATOLÓGICAS: UMA REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

PRE Gomes^a, CS Alencar^b

^a Universidade de São Paulo (USP), São Paulo, SP, Brasil

^b Laboratório de Investigação Médica (LIM03), Hospital das Clínicas, Faculdade de Medicina, Universidade de São Paulo (USP), São Paulo, SP, Brasil

Objetivos: Abordar os fatores de risco e prognóstico da infecção por Citomegalovírus (CMV) em pacientes com doenças hematológicas malignas. **Material e métodos:** Utilizamos bases de dados eletrônicos como Web of Science, PubMed e Scopus, no período entre 2020 e 2023 que abordam a infecção por CMV em pacientes com malignidade hematológica. **Resultados:** O linfoma é a malignidade hematológica subjacente mais comum associada a infecção por CMV. A literatura identifica altos níveis de esteróides, transfusões de sangue, baixo índice de massa corporal (IMC) e hipoalbuminemia como fatores de risco significativos para a infecção por CMV, conforme discutido no Congresso Europeu de Microbiologia Clínica e Doenças Infecciosas (ECCMID) de 2017. Observou-se que a infecção por CMV está significativamente associada a um aumento na mortalidade em 30 dias. Esses achados sublinham a necessidade de vigilância rigorosa e manejo adequado desses pacientes para melhorar os resultados clínicos e reduzir o risco de complicações graves. **Discussão:** A infecção por CMV (Citomegalovírus) é causada por um vírus de DNA da família Herpesvírus. Em indivíduos saudáveis, a infecção por CMV geralmente é assintomática ou pode causar sintomas leves. Em pacientes com linfoma, a infecção por CMV é relativamente comum, especialmente durante a quimioterapia intensa que provoca imunossupressão. A reativação do CMV pode resultar em complicações graves, como pneumonia, colite e retinite, aumentando a morbidade desses pacientes. A detecção precoce e o tratamento eficaz são essenciais para minimizar essas complicações. A monitorização da carga viral por PCR ou sequenciamento são ferramentas importantes para acompanhar a reatividade do vírus. No entanto, a toxicidade e a resistência aos antivirais permanecem como desafios importantes que precisam ser estudados. **Conclusão:** A infecção por CMV é uma complicação relevante em pacientes com malignidade hematológica, como o linfoma, exigindo vigilância contínua e estratégias terapêuticas eficazes. A implementação de protocolos para a monitorização é essencial para melhorar a qualidade de vida desses pacientes. A pesquisa é contínua e necessária para desenvolver novas terapias antivirais para combater o CMV.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2024.09.2141>

ANÁLISE DAS SUBCLASSES DE IGG NO LÍQUIDO AMNIÓTICO E SORO DE GESTANTES COMO INDICADORES DE INFECÇÃO AGUDA POR TOXOPLASMA GONDII

TI Egilio, PC Pimenta, MC Paschoini, AO Gomes, ACM Oliveira-Scussel

Universidade Federal do Triângulo Mineiro (UFTM), Uberaba, MG, Brasil

Introdução: O *Toxoplasma gondii* é um parasita intracelular obrigatório capaz de desencadear uma doença que atinge cerca de um terço da população mundial, que é a toxoplasmose. Além da transmissão pela ingestão de alimentos e água contaminada, esse protozoário é capaz de atravessar a bar-

reira placentária, causando efeitos deletérios ao feto, como hidrocefalia, microcefalia, encefalite, coriorretinite, cegueira e retardo mental ou psicomotor, além de aborto. Somente no Brasil, em 2023, foram registrados 9.669 casos de toxoplasmose congênita (TC), o que denota um número expressivo de mulheres que tiveram uma infecção aguda durante a gestação e que a falta de diagnóstico precoce promoveu a infecção do feto. A detecção no soro de anticorpos IgA e/ou IgM anti- *T. gondii* é a forma de diagnóstico realizada em infecções em fase aguda, e de IgG para infecções que estão na fase crônica; ademais, pode ser realizado a pesquisa do DNA do parasito por PCR no líquido amniótico (LA) obtido por amniocentese, contudo, considerando as limitações de cada método podem gerar resultados falso-negativos ou falso-positivos. Atualmente, a detecção de anticorpos específicos do parasita no LA não é utilizada e nem possui uma padronização para o diagnóstico. **Objetivo:** Detectar e correlacionar as subclasses de IgG (IgG1, IgG2, IgG3 e IgG4) e a avidade de IgG total no LA e no soro de gestantes com suspeita de infecção aguda por toxoplasmose, como forma de auxiliar o diagnóstico de TC. **Materiais e métodos:** Foram coletadas 54 amostras de LA e 25 de soro materno (SM) de gestantes atendidas no Hospital de Clínicas da Universidade Federal do Triângulo Mineiro e no Hospital de Clínicas da Universidade Federal de Uberlândia, nas quais foram analisadas pelo ensaio imunoenzimático (ELISA) de IgG subclasses e IgG avidade (CEP 4.529.344). **Resultados:** Detectou-se a presença de IgG1 em 46 amostras, IgG2 em 5, IgG3 em 3 e IgG4 em 16, no LA; ainda, foram detectadas no SM a presença de IgG1 em 23 amostras, IgG2 em 2, IgG3 em 6 e IgG4 em 3. Ao correlacionar as subclasses com a sua avidade, notou-se uma correlação negativa e significativa de IgG3 no soro. Ainda, a correlação de IgG1 e IgG4 com a avidade no LA, foi positiva e significativa, de modo que houve mais amostras positivas de IgG4 no LA, se comparado com os resultados obtidos do SM. **Discussão:** Foi possível detectar as 4 subclasses de IgG anti-*T. gondii* no SM e no LA, de forma que a IgG1 é a mais prevalente em ambas as amostras. Porém, a segunda mais prevalente no SM foi a IgG3, já no LA foi a IgG4, de forma que tal dado demonstra que os maiores valores de IgG4 estão atrelados a uma maior avidade, isto é, o risco de infecção congênita pode ser menor. Ainda a presença dessas subclasses em contextos distintos sugerem atuações diferentes pelas propriedades nas quais detém, uma vez que IgG3 apresenta maior capacidade de atravessar barreira placentária, bem como estar relacionado com a capacidade de ativação do sistema complemento (SC), além de marcar os fagócitos para a opsonização, enquanto o IgG4 presente em um terço das amostras de LA, tem menor capacidade de atravessar a placenta, não ativa o SC e não realiza opsonização. **Conclusão:** Nota-se que a presença de subclasses, tal como IgG3 anti-*T. gondii*, pode ser no soro um potencial marcador de infecção em fase aguda, em que a infecção fetal é mais propensa de ocorrer. Ademais, a IgG4 anti-*T. gondii* pode ser uma ferramenta valiosa para auxiliar no diagnóstico de transmissão fetal.

<https://doi.org/10.1016/j.htct.2024.09.2142>