

RESUMOS

> ACESSE AQUI A REVISTA ONLINE

Introdução: A emergência da multirresistência resultante da expressão de genes codificadores de produção enzimática representa um dos principais problemas de saúde pública. *Acinetobacter baumannii*, *Klebsiella pneumoniae* e *Pseudomonas aeruginosa* configuram entre os bastonetes gram-negativos (BGN) mais prevalentes em episódios de transferência plasmidial e outros mecanismos que restringem a escolha antimicrobiana e favorecem desfechos adversos. **Objetivos:** Determinar a prevalência de BGN resistentes aos carbapenêmicos isolados de hemoculturas de pacientes internados em um hospital público de Goiás e realizar a genotipagem de *blaKPC*, *blaNDM* e *blaOXA-23*. **Método:** Estudo epidemiológico desenvolvido no período de janeiro/2016 a dezembro/2017 em um hospital público de referência no tratamento de doenças infecciosas. Os frascos de hemocultura foram incubados no BACTEC 9240 (Becton Dickinson Diagnostic Instrument Systems). A identificação e o perfil de suscetibilidade foram realizados por meio do sistema VITEK 2 (bioMérieux) associados aos testes bioquímicos manuais e de disco-difusão (Kirby-Bauer). A detecção fenotípica para produção de carbapenemases foi executada por aproximação de discos e teste de Hodge modificado. A genotipagem foi realizada por reação em cadeia da polimerase em tempo real. **Resultados:** De 264 hemoculturas positivas para BGN, em 31 (11,7%) foram isolados BGN resistentes aos carbapenêmicos. Um total de 15 BGN (48,4%) carregavam codificadores de produção enzimática. O gene *blaKPC* foi detectado em uma *K. pneumoniae* (6,7%), uma *Escherichia coli* (6,7%) e uma *P. aeruginosa* (6,7%). Verificou-se que 11 *A. baumannii* (73,2%) albergavam *blaOXA-23*. O gene *blaNDM* foi confirmado em uma *K. pneumoniae* (6,7%). Codificadores de produção enzimática não foram detectados em 16 BGN (51,6%): 11 *P. aeruginosa* (68,7%), duas *K. pneumoniae* (12,5%), dois *A. baumannii* (12,5%) e uma *Enterobacter cloacae* (6,3%), sugerindo a presença de outros mecanismos de resistência. **Discussão:** O isolamento de BGN albergando genes codificadores de produção enzimática é preocupante no contexto da saúde pública, pois tem impacto na restrição da escolha terapêutica, no prolongamento de internações hospitalares e no aumento da mortalidade e de custos institucionais. O conhecimento sobre a etiologia da bacteremia, perfil de suscetibilidade e a vigilância genotípica são essenciais para reduzir a disseminação da resistência bacteriana em instituições de saúde pública em Goiás.

Código do Trabalho: 12270

PREVALÊNCIA DE MICRORGANISMOS E RESISTÊNCIAS AOS ANTIMICROBIANOS EM UMA UNIDADE DE TERAPIA INTENSIVA

Autores: Alberto Saraiva Tibúrcio; Carolina Bittencourt Castro Ferraz; Gabriela Costa Silva.
Hospital De Emergência De Resende, Resende - RJ - Brasil.

Introdução: Pacientes críticos em Unidades de Terapia Intensiva são muitas vezes submetidos a procedimentos invasivos tais como inserção de cateter profundo, ventilação mecânica e cateterização urinária. Estes procedimentos invasivos podem facilitar a instalação de infecções hospitalares, aumentando o problema das infecções com microrganismos resistentes a diversos antimicrobianos e a dificuldade de tratamento. Neste cenário, as chances de se contrair uma infecção na UTI são de

cinco a dez vezes maior que em outros setores dos hospitais. **Objetivos:** Conhecer a microbiota prevalente e o padrão de resistência aos antimicrobianos na UTI no período de janeiro a julho de 2018. **Método:** Estudo retrospectivo realizado a partir dos resultados das culturas de sangue, urina e aspirado traqueal no período acima referenciado. **Resultados:** No período de 01 de janeiro a 30 de junho foram isolados 64 microrganismos, sendo 39 (60,9%) provenientes de aspirados traqueais, 22 (34,4%) da corrente sanguínea e 03 (4,7%) da urina. Os germes mais frequentes por topografia, foram os seguintes: *S. aureus* (08 ou 20,5%), *Acinetobacter sp.* (07 ou 17,9%), *Enterobacter cloacae* (06 ou 15,4%), *Pseudomonas aeruginosa* (05 ou 12,8%), *Klebsiella pneumoniae* (04 ou 10,3%), *E. coli* e *Stenotrophomonas maltophilia* (02 de cada ou 10,3%), *Morganella morganii*, *Providencia sp.*, *Haemophilus sp.*, *Burkholderia sp.* e *Proteus mirabilis* (01 de cada ou 12,8%) no aspirado traqueal; estafilococos coagulase-negativos (11 ou 50,0%), *S. aureus* (05 ou 22,7%), *Klebsiella pneumoniae* (04 ou 18,2%), *Morganella morganii* e *E. coli sp.* (01 de cada ou 9,1%) nas amostras de sangue; *Streptococcus agalactiae*, *Klebsiella pneumoniae* e *E. coli* (01 de cada) nas amostras de urina. Em relação ao padrão de resistência aos antimicrobianos dos 03 microrganismos mais frequentes: *S. aureus* (14,3% à ampicilina, 25,0% à amoxicilina/clavulanato, 15,4% à ciprofloxacina, 45,4% à clindamicina, 15,4% à gentamicina, 25,0% à levofloxacina, 15,4% à oxacilina, 100,0% à penicilina G, 0% à linezolida, ao sulfametoxazol/trimetoprim, à teicoplanina e à vancomicina); estafilococos coagulase-negativos (100% à amoxicilina/clavulanato, 63,6% à ciprofloxacina, 63,6% à clindamicina, 45,4% à gentamicina, 100% à levofloxacina, 0% à linezolida, à teicoplanina e à vancomicina, 81,8% à oxacilina, 100% à penicilina G e 72,7% ao sulfametoxazol/trimetoprim); *Klebsiella pneumoniae* (0% à ampicilina, ao imipenem e ao meropenem, 20,0% à amoxicilina/clavulanato, 57,1% ao cefepime, 100% à ceftazidima, 66,7% ao ceftriaxone, 55,5% à ciprofloxacina, 66,7% à gentamicina, 66,7% à levofloxacina, 33,3% à piperacilina/tazobactam e 40,0% ao sulfametoxazol/trimetoprim). **Discussão:** O conhecimento da microbiota prevalente em uma Unidade de Terapia Intensiva, bem como do padrão de resistência dos germes, permite que se inicie um tratamento antimicrobiano empírico com maior segurança, bem como permite uma vigilância epidemiológica mais efetiva ao longo do tempo.

Código do Trabalho: 12306

ANÁLISE MOLECULAR DE ISOLADOS DE CLOSTRIDIUM DIFFICILE EM ESTUDO MULTICÊNTRICO NO BRASIL

Autores: Gabriele Zvir Saldanha¹; Renata Neto Pires²; Franciele Caroline Adam¹; Alessandro Pasqualotto (Rs)²; Andreza Francisco Martins¹.

1. Ufrgs, Porto Alegre - RS - Brasil; 2. Ufcsa, Porto Alegre - RS - Brasil.

Introdução: *Clostridium difficile* é mundialmente reconhecida como um problema de saúde pública, sendo que o principal fator de risco para a infecção por *C. difficile* é o uso prévio de antibióticos. Os esporos de *C. difficile* permanecem viáveis no ambiente, sendo de fácil disseminação e de difícil eliminação. **Objetivos:** Identificar os isolados de *C. difficile* através de genes *housekeeping* e genes de toxinas (Locus de Patogenicidade *PaLoc*). **Método:** Os isolados foram recuperados de amostras de

RESUMOS

> ACESSE AQUI A REVISTA ONLINE

fezes diarreicas oriundas de oito hospitais brasileiros, utilizando meio seletivo *C. difficile* CM0601 (Oxoid), suplementado com D-ciloserina e cefoxitina, em jarra de anaerobiose. O DNA bacteriano foi extraído pela técnica de lise térmica e a reação de PCR *in house* foi realizada utilizando *primers* para os genes *housekeeping tpi, glyA, recA, soda, dxr, atpA, adk*, e genes do *PaLoc: tcdA, tcdB e tcdC*. MALDI-TOF MS (Bruker) foi utilizado para a identificação da bactéria em nível de espécie. **Resultados:** De 156 amostras de fezes, 17 foram positivas na cultura para *C. difficile* (10,8%). Os genes das toxinas foram detectados em 10 amostras. **Discussão:** *C. difficile* é um organismo ainda pouco estudado no Brasil, e esse estudo mostrou o maior índice de prevalência já descrito no país até o momento. O próximo passo do trabalho será a tipagem molecular dos isolados através do MLST (*Multilocus sequency typing*) para o entendimento da origem (ST - *Sequency Typing*) das cepas circulantes da bactéria em hospitais brasileiros.

Código do Trabalho: 12325

DETECÇÃO DE BLAIMP-1 EM INTEGRON DE CLASSE I EM ISOLADOS MDR DE ACINETOBACTER BEREZINIAE PROVENIENTES DE INFECÇÃO DE CORRENTE SANGUÍNEA**Autores:** Lais Calissi Brisola Tavares¹; Daniel Almeida Sant Ana¹; Mariana Sardinha Bueno¹; Thays Almeida Franco De Barcellos¹; Marcos P. V. Cunha²; Monique Ribeiro Tiba Casas¹; Carlos Henrique Camargo¹.

1. Instituto Adolfo Lutz, São Paulo - SP - Brasil; 2. Faculdade De Medicina Veterinária E Zootecnia, Universidade De São Paulo, São Paulo - SP - Brasil.

Espécies de *Acinetobacter* com resistência aos antimicrobianos impactam negativamente no prognóstico, na mortalidade e nos custos associados ao cuidado com o paciente. Apesar da maior prevalência de isolados pertencentes ao Complexo *Acinetobacter calcoaceticus-A. baumannii*, espécies emergentes são reportadas na literatura. O objetivo deste estudo é reportar a ocorrência da metalo-beta-lactamase IMP em isolados de *Acinetobacter* causadores de infecção de corrente sanguínea presentes em um hospital universitário terciário brasileiro. A identificação de *A. baumannii* deu-se pela pesquisa dos genes *bla*_{OXA-51-like} e *gltA*, detectados em 85% (n=114) dos isolados. Os isolados de *Acinetobacter* não-*baumannii* foram identificados por sequenciamento gênico como *A. nosocomialis* (n=4; 3,1%), *A. pittii*, *A. bereziniae* (n=2; 1,7%, cada), *A. ursingii*, *A. variabilis*, *A. gyllenbergii* (n=1; 0,9%, cada) e *Acinetobacter* spp. (n=2; 1,7%). Foram realizados testes de sensibilidade aos antimicrobianos por disco-difusão, pesquisa de genes codificadores de carbapenemases, e tipagem molecular por eletroforese em campo pulsado (PFGE). Os dois isolados de *A. bereziniae* (provenientes de pacientes da UTI, em janeiro/2013 e janeiro/2014) apresentaram positividade para PCR do gene *bla*_{IMP} e perfil idêntico na tipagem por PFGE. Para caracterização do contexto genético e do resistoma desses isolados, sequenciamento de genoma total foi realizado em plataforma Ion Torrent. Após montagem dos genomas utilizando o algoritmo Spades, o resistoma foi analisado nas ferramentas online CARD - Comprehensive Antibiotic Resistance Database (<https://card.mcmaster.ca/>) e ResFinder (<https://cge.cbs.dtu>

dk/), com posterior anotação manual (Genious software). Nos dois isolados, o alelo *bla*_{IMP-1} foi detectado em um integron de classe I denominado In86, carreando também genes que conferem resistência a sulfonamidas (*sulI*) e aminoglicosídeos (*aac(6')-31 e aadA*). Outros genes de resistência detectados foram *msrE e mph(D)* (resistência intrínseca a macrolídeos), CARB-8 e *bla*_{OXA-356} (resistência a beta-lactâmicos) e *aph(3')-VIa* (resistência a aminoglicosídeos), além de *adeF* (bomba de efluxo), o que explica o perfil de multiresistência dos isolados analisados (resistência a amicacina, ceftazidima, ceftriaxona, cefotaxima, cefepime, ticarcilina-clavulanato, imipenem). Susceptibilidade foi verificada para polimixina B (0,5mcg/mL), minociclina (0,062mcg/mL) e tigeciclina (0,094mcg/mL). Ainda que em baixas frequências, espécies de *Acinetobacter* não-*baumannii* podem apresentar fenótipos de múltipla resistência aos antimicrobianos. A ocorrência de determinantes genéticos de resistência em elementos genéticos móveis, como o In86, evidenciam o papel de *A. bereziniae* como reservatório e potencial transmissor horizontal de carbapenemases no ambiente hospitalar. Suporte financeiro: FAPESP.

Código do Trabalho: 12334

PERFIL DE PACIENTES COM HEMOCULTURA POSITIVA PARA KLEBSIELLA PNEUMONIAE PRODUTORA DE KPC INTERNADOS EM HOSPITAL PÚBLICO DO SUL DO BRASIL (2013 A 2017)**Autores:** Stefan Halla¹; Sergio Beduschi Filho².

1. Hospital Governador Celso Ramos, Florianópolis - SC - Brasil; 2. Hospital Nereu Ramos, Florianópolis - SC - Brasil.

Introdução: A infecção por *Klebsiella pneumoniae* produtora de carbapenemase (KPC-Kp) apresenta um risco crescente nas unidades hospitalares, sendo necessária compreender seu comportamento para definição de estratégias de prevenção e tratamento adequadas. **Objetivos:** Avaliar o perfil epidemiológico dos pacientes com hemocultura positiva para KPC-Kp em um hospital público de alta complexidade do sul do Brasil. Verificar relação com outros sítios infectados; uso terapêutico adequado; uso de dispositivos invasivos; procedimentos cirúrgicos; mortalidade em 15 dias; tempo de permanência hospitalar até resultado de hemocultura positiva para KPC-Kp; motivo da internação (clínica médica, clínica cirúrgica, ortopedia). **Métodos:** Estudo transversal, descritivo, retrospectivo com análise dos pacientes com hemocultura positiva para KPC-Kp do período de 2013 a 2017 que estiveram internados em um Hospital de alta complexidade do sul do Brasil. **Resultados:** Apresentaram hemocultura positiva 42 pacientes que estavam internados, 50% em enfermaria e 50% em Unidade de Terapia Intensiva. A média de idade foi de 53 anos, e a duração média de internação, 22 dias. Foi considerado tratamento eficaz (isto é, que incluiu ao menos uma droga com atividade *in vitro* contra o isolado de KPC-Kp) em 73,8% dos casos, sendo 66,66% com terapia combinada e 9,52% com monoterapia. Colonização prévia por KPC-Kp à infecção foi identificada em 73,33% dos indivíduos, por swab retal positivo. Foi identificada cultura positiva para KPC-Kp em outros sítios: em urina (30,95%), em secreção traqueal (21,43%) e em sague de cateter venoso central (50%). Os testes de sensi-