

Avaliação de método de identificação molecular e distribuição das espécies do complexo *Acinetobacter calcoaceticus*-*Acinetobacter baumannii* em dois hospitais de Porto Alegre

Pormann, Caroline ¹, Pagano, Mariana ¹, Teixeira, Aline ² Barth, Afonso ^{1,3}

¹ Faculdade de Farmácia UFRGS

² Faculdade de Medicina UFRGS

³ Serviço de Patologia Clínica HCPA



XXV SIC
Encontro Interdisciplinar Científico

CS - Ciências da Saúde

INTRODUÇÃO

Atualmente, o gênero *Acinetobacter* sp. compreende 32 espécies. Quatro destas espécies (*A. baumannii*, *A. nosocomialis*, *A. pittii* e *A. calcoaceticus*) são altamente semelhantes, fenotípica e genotipicamente, com isso, foram agrupadas em um complexo chamado *Acinetobacter baumannii*-*calcoaceticus* (ABC). As espécies do complexo ABC podem possuir diferentes contextos epidemiológicos e clínicos, destacando a importância da sua correta identificação sendo que diversas metodologias têm sido descritas. Testes comerciais de identificação manuais e semi-automatizados apresentam baixo desempenho para distinguir as espécies. Além disso, métodos fenotípicos já descritos são muito laboriosos para serem realizados em laboratório de rotina. Metodologias baseadas em técnicas de sequenciamento de DNA são considerados padrão ouro para identificação final das espécies, entretanto estes métodos são raramente utilizados. Isso se deve ao elevado custo das técnicas, além da limitação dos equipamentos de sequenciamento serem encontrados em apenas alguns laboratórios de referência especializados. Com isso, métodos baseados na análise de DNA que não utilizem sequenciamento podem ser considerados como uma alternativa rápida e acessível.

MATERIAL E MÉTODOS

- Foram analisados 118 isolados de *Acinetobacter* sp. provenientes de dois hospitais da cidade de Porto Alegre
- Método de análise utilizado foi o multiplex PCR para o gene *gyrB*
- Os resultados foram posteriormente confirmados pelo padrão ouro: sequenciamento da região ITS 16S-23S
- Foram também analisados os perfis de suscetibilidade desses isolados pela técnica de microdiluição em caldo.

RESULTADOS

Dos 118 isolados:

- 106 (89,8%) foram identificados como *A. baumannii*
- 6 (5,1%) *A. nosocomialis*
- 5 (4,2%) *A. pittii*
- 1 (0,8%) *Acinetobacter* genomoespécie 10.

Todos os resultados foram confirmados por sequenciamento. *A. baumannii* demonstrou um elevado nível de resistência (72,6%) ao imipenem. Três dos seis isolados de *A. nosocomialis* também eram resistentes ao imipenem, mas apenas um *A. pittii* era resistente a este carbapenêmico.

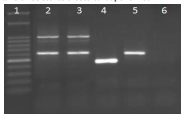


Figura: Gel de agarose dos produtos de amplificação da técnica de PCR multiplex do gene *gyrB*. 1. MPM 2. Controle positivo *A. baumannii* 3. *A. baumannii* 4. *A. pittii* 5. *A. nosocomialis* 6. Controle negativo

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Esses achados sugerem que a técnica de multiplex PCR do gene *gyrB* é um método viável para ser usado na rotina laboratorial diferenciando as espécies do complexo ABC. Portanto, podemos considerar que este é um método mais simples que pode contribuir para uma melhor compreensão da epidemiologia e relevância clínica das espécies do complexo ABC. Além disso, observamos que espécies não *baumanni* também podem apresentar percentuais significativos de resistência ao imipenem.