cepa hipervirulenta pertencente ao ribotipo 027 e resistente às fluoroquinolonas.

Resultados: Foram investigadas 473 amostras de fezes de pacientes com diarreia clínica. Encontrou-se uma prevalência de CDI toxigênico em 12,4% (59/473), dos quais 5 pacientes testaram positivo para a cepa hipervirulenta. Apesar de ser relatada a idade avançada como fator de risco, 33% dos pacientes com CDI toxigênico estavam na faixa etária de 0 a 10 anos, enquanto que 27% tinham idade acima de 60 anos. 16,9% dos pacientes tinham de 18 a 30 anos e 22% tinham entre 31 e 59 anos. Quanto ao local da solicitação, observa-se uma predominância de testes da internação pediátrica (23,7%) e internação clínica (22%).

Conclusão: A prevalência de CDI toxigênico foi de 12,4% nas amostras analisadas. Esses resultados mostram a importância da epidemiologia local para melhorar o tratamento e as medidas de controle de infecção. CDI é uma importante infecção nosocomial e incorre em tratamentos caros, isolamento do paciente e maior tempo de internação.

Palavras-chave: Clostridioides difficile , Infecção nosocomial , Controle de infecção

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103413

PREVALÊNCIA DE CARBAPENEMASES EM HOSPITAL UNIVERSITÁRIO NA REGIÃO AMAZÔNICA NO PERÍODO DE 2020 A 2022

Rômulo Pereira Santos*, Mayara Pantoja Nunes, José de Ribamar Anderson Barros Chaves, Gabriela da Costa Justino, Naiara Maia Chaves, Vanessa Gomes de Lima, Ariana Santana da Silva, Lourival Rodrigues Marsola

Hospital Universitário João de Barros Barreto (HUJBB), Universidade Federal do Pará (UFPA), Belém, PA, Brasil

Introdução/Objetivo: A resistência antimicrobiana constitui um problema de saúde pública em todo o planeta, com a emergência de enzimas beta-lactamases tornando-se um desafio no tratamento das infecções, por ser um importante mecanismo de resistência bacteriana. Este estudo busca descrever a prevalência das carbapenemases identificadas em um Hospital Universitário referência em doenças infecciosas no período de 2020 a 2022.

Métodos: Foram analisados resultados de estudo molecular de amostras microbiológicas analisadas pelo Laboratório Central (LACEN) com identificação de enzimas mutacionais: OXA (Oxacilinase) 51, 23 e 143, NDM (*New Delhi Metalobetalactamase*), KPC (*Klebsiella Pneumoniae Carbapenemase*), SPM (São Paulo metalobetalactamase) e VanA.

Resultados: Foram detectadas 178 carbapenemases entre as amostras analisadas. A NDM foi a mais prevalente em 28% dos isolados, seguida da OXA 23 (24%), da KPC (20,7%) e OXA-51 em 16,2% dos achados. Também foram identificadas em menor prevalência as enzimas VanA em 4%, SPM (3,5%), OXA-143 (0,6%) e a coprodução de KPC-NDM em 3% dos isolados. A *Klebisiela pneumoniae* foi a bactéria mais associada a produção de NDM e KPC, com 68% e 67,5% dos isolados para as respectivas enzimas. Todos os achados de OXA-23 e OXA-51 foram associados ao microorganismo *Acinetobacter baumannii*. A expressão de VanA foi detectada em 71,5% dos casos em *Enterococcus faecium*. Todas as SPM foram isoladas em *Pseudomonas aeruginosa*. A coprodução KPC-NDM foi observada em isolados de K. pneumoniae (60%) e de Serratia fonticola (40%). Os isolados de OXA-23 e 51 foram os mais prevalentes nos anos de 2020 e 2021 com 32,6% e 24% do total das carbapenemases isoladas do período. Em 2022, esse perfil mudou, a NDM e KPC emergiram como principais carbapenemases isoladas, ocupando destaque na prevalência com 39% e 28,5% do total de enzimas identificadas no ano, demonstrando uma mudança no perfil de resistência no período da análise.

Conclusão: As carbapenemases mais prevalentes foram NDM, OXA 23, KPC e OXA 51. Isolados de coprodução NDM-KPC foram identificados. Foi observada uma mudança de prevalência no período analisado, com emergência de NDM e KPC no ano de 2022, ocupando destaque entre as beta-lactamases isoladas. Tais achados, refletem uma transição no perfil de resistência bacteriana em um curto período.

Palavras-chave: Carbapenemases , Multirresistência , Resistência antimicrobiana

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103414

PREVALÊNCIA DOS PRINCIPAIS GENES DE CARBAPENEMASES EM ISOLADOS CLÍNICOS DE PSEUDOMONAS SP DO HOSPITAL DE CLÍNICAS DE PORTO ALEGRE

Luana Silva Dornelles*, Mariana Preussler Mott, Deise Reis Carvalho, Isadora Oliveira e Silva, Katrine Flores, Rodrigo Minuto Paiva, Larissa Lutz

Hospital de Clínicas de Porto Alegre (HCPA), Porto Alegre, RS, Brasil

Introdução: Pseudomonas sp é um patógeno oportunista que está associado a diversos casos de Infecções Relacionadas à Assistência à Saúde (IRAS). A produção de enzimas carbapenamases incluíndo a coprodução destas enzimas por estes patógenos se tornou uma preocupação em saúde pública, principalmente após a pandemia da COVID-19, uma vez que os carbapenêmicos estão entre os antimicrobianos de último recurso para o tratamento de infecções multirresistentes e novos antimicrobianos, como ceftazidima-avibactam, dependem do tipo de carbapenemase envolvido.

Objetivo: Avaliar a prevalência dos genes de enzimas carbapenemases mais prevalentes em 208 isolados de Pseudomonas sp não sensíveis ao meropenem, no período de julho de 2022 a junho 2023 no Hospital de Clínicas de Porto Alegre.

Métodos: A identificação bacteriana foi realizada pela técnica de MALDI TOF pelo Vitek MS, Biomerieux. O teste de suscetibilidade aos antimicrobianos foi realizado pelo método de disco-difusão conforme o BrCAST, 2022. A Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) convencional para a identificação do gene blaSPM e o teste de RT-qPCR por *High-Resolution Melt* (HRM) para a detectação de seis diferentes tipos genéticos de carbapenemases blaKPC, blaNDM, blaGES, blaOXA-48, blaIMP e blaVIM foram realizados.

Resultados: Um total de 52,9% dos isolados de *Pseudomonas spp*. meropenem resistentes não apresentou nenhum dos genes pesquisados; 37,0% apresentaram o gene blaNDM; 3,4%

apresentaram o gene blaVIM, 1,4% apresentaram o gene blaIMP e 1,0% apresentaram o gene blaSPM; 1,9% apresentaram concomitantemente os genes blaIMP e blaVIM; 0,5% apresentaram os genes blaVIM e blaSPM; e 0,5% apresentaram os genes blaNDM e blaGES.

Conclusão: Mais da metade dos isolados de *Pseudomonas spp*. não apresentaram produção das carbapenemases pesquisadas, podendo haver outros mecanismos de resistência aos carbapenêmicos que não foram pesquisados. A enzima mais prevalente foi a blaNDM sendo detectada em mais de um terço dos isolados, excluindo a possibilidade de tratamento com ceftazidima-avibactam. Portanto, evidencia-se a importância em pesquisar a produção de carbapenemases em *Pseudomonas spp*. tanto para o sucesso do tratamento como para o conhecimento da epidemiologia local.

Palavras-chave: Carbapenemase , Reação em cadeia da polimerase (PCR) , *Pseudomonas spp*

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103415

PRÓTESE TOTAL INFECTADA CAUSADA POR BACTÉRIAS MULTIRRESISTENTES E PAN-RESISTANTES IDENTIFICADAS EM FLUIDO DE SONICAÇÃO: CENÁRIO EPIDEMIOLÓGICO ATUAL

Laura Batista Campos[b,*],
Mariana Neri Lucas Kurihara[b],
Ingrid Nayara Marcelino Santos[b],
Mayara Muniz de Andrade Silva[a], Thais Suzuki[b],
Stefania Bazanelli Prebianchi[b],
Tiago Barcellos Valiatti[b], Mauro José Salles[b]

[a] *Escola Paulista de Medicina (EPM), São Paulo, SP, Brasil;*
[b] *Escola Paulista de Medicina (EPM), Universidade Federal de São Paulo (UNIFESP), São Paulo, SP, Brasil*

Introdução: Existe uma preocupação crescente em relação à elevada frequência de patógenos Multirresistentes (MDR) e extensivamente resistentes a drogas (XDR) nas artroplastias infectadas (IPO). No presente estudo, avaliamos as características fenótipas, genótipas e o perfil de suscetibilidade antimicrobiana destes microrganismos causadores de IPO.

Métodos: Isolados bacterianos MDR/XDR foram obtidos do fluído de sonicação de próteses e espaçadores ortopédicos e identificados por MALDI-TOF MS. O perfil de suscetibilidade antimicrobiano foi avaliado por meio do teste de disco de difusão, a vancomicina foi avaliada por microdiluição em caldo, com base nos critérios e recomendações do BrCAST. O gene mecA foi identificado pela Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) e a β-lactamase carbapenemase pelo Blue carba® e PCR para o gene blaKPC. Realizou-se ensaio quantitativo de formação de biofilme em superfícies abióticas com cristais de violeta e medida da absorbância em leitor de Elisa a 600nm.

Resultados: Em 26 pacientes com IPO, identificou-se 33 patógenos provenientes de fluidos de sonicação que positivaram em 71,9% (23/32) dos casos. Gram-Positivos (CGP) representaram 76% (25/33) das cepas: *Staphylococcus* coagulase-negativo (45,4%), *Staphylococcus aureus* (24,2%) e *Enterococcus spp*. (6%). As bactérias Gram-negativas (BGN) foram 24% (8/33), sendo Pseudomonas aeruginosa (9,1%), *K. pneumoniae* (6%), e *Acinetobacter baumannii*, *Proteus mirabilis* e *Enterobacter cloacae* em 1% cada. CGP mostraram resistência à meticilina (65,2%), macrolídios (60,9%), fluoroquinolonas (56%) e lincosamidas (52,2%). Não houve resistência às oxazolidinonas e glicopeptídeos, sendo 19 cepas com CIM ≤2,0 e 2 cepas de *S. epidermidis* e outra de *E. faecalis* demonstraram CIM ≤4,0 para vancomicina. O gene mecA foi identificado em doze cepas de *Staphylococcus spp*., sendo seis cepas de MRSA e cinco de MRSE. CGP apresentaram perfil MDR em 56% das cepas. Os BGN apresentaram perfil XDR em 6 cepas, com presença de carbapenemase e gene blaKPC nos isolados de *K. pneumoniae*. Todas as cepas formaram biofilme, 60,6% e 21,2% dos isolados produziram moderadamente e fortemente biofilme, respectivamente.

Conclusão: Evidenciamos um percentual preocupantemente elevado de bactérias MDR e XDR, formadoras de biofilme em fluido de sonicação de artroplastias infectadas. Esses resultados destacam a importância de implementação de medidas de controle de infecção e gerenciamento do uso adequado de antibióticos nesta população.

Palavras-chave: Resistência bacteriana , Artroplastia infectada , Biofilme

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103416

PSEUDOMONAS AERUGINOSA PRODUTORA DE METALOBETALACTAMASE: UM DESAFIO ADICIONAL NO DIFÍCIL CENÁRIO CLÍNICO-MICRO-EPIDEMIOLÓGICO DA RESISTÊNCIA AMPLIADA

Henry Pablo Lopes Campos e Reis[a,*],
Antonio Gutierry Neves Dantas de Melo[b],
Francisco Lennon Camilo Rosa[b],
Evelyne Santana Girão[a],
Ruth Maria Oliveira de Araujo[a],
Ramiro Moreira Tavares[a],
Michelle Rodrigues Pinheiro[a],
Luciana Vladia Carvalhedo Fragoso[a],
Geovania Maciel de Souza[a],
Germana Perdigão Amaral[a], Marta de Oliveira Viana[a],
Matheus Alves de Lima Mota[a],
Jorge Luiz Nobre Rodrigues[a]

[a] *Hospital Universitário Walter Cantídio (HUWC), Universidade Federal do Ceará (UFC), Fortaleza, CE, Brasil;*
[b] *Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, CE, Brasil*

Introdução/Objetivo: As infecções por Pseudomonas aeruginosa produtora de Metalobetalactamases (MBL) se configuram como uma das maiores ameaças à saúde pública. Os controladores de infecção, hoje se deparam com o esgotamento terapêutico, especialmente, se há expressão de metalobetalactamase. Assim, o objetivo foi delinear o perfil epidemiológico, clínico e microbiológico dessas infecções, dos pacientes internados em um hospital universitário de referência do Brasil, nos anos de 2021 e 2022.

Métodos: Os dados foram coletados a partir de prontuários de pacientes internados em leitos de enfermaria e de Unidade de Terapia Intensiva, que, também, tinham seu acompanhamento pelo time Stewardship iniciado e tabulados em um