

EP-063 - MECANISMOS MOLECULARES DA RESISTÊNCIA A ANTIMICROBIANOS EM PSEUDOMONAS SP. DE ORIGEM VETERINÁRIA

Debora Minkovicus, Rafaela Espinosa, Fabio Mitsuo Lima, Dyana Alves Henriques, Marjorie Mendes Marini

Centro Universitário São Camilo, São Paulo, SP, Brasil

Introdução: Infecções causadas por *Pseudomonas aeruginosa* são um desafio na clínica devido a aquisição de genes e da resistência intrínseca a vários antibióticos. A detecção de *P. aeruginosa* MDR na clínica veterinária evidencia a necessidade de seu estudo no conceito de saúde única. Testes de sensibilidade aos antimicrobianos auxiliam na escolha do tratamento mas, para a confirmação de genes envolvidos depende de testes moleculares. Compreender as bases moleculares da circulação da resistência nos isolados de *P. aeruginosa* é fundamental para entender e rastrear a disseminação de bactérias e genes de resistência.

Objetivo: Avaliar os mecanismos moleculares envolvidos na resistência aos antimicrobianos em *P. aeruginosa* isoladas de animais de companhia na grande São Paulo.

Método: Entre os meses de 10/23 e 03/24 foram isolados 35 de *P. aeruginosa* no setor de microbiologia de um laboratório de diagnóstico veterinário. A análise fenotípica da resistência foi realizada pelo teste de disco-difusão (CLSI-VET 2024; BRCAS, 2024) e na genotípica a técnica de PCR, visando detectar os seguintes genes: *parC*, *oprD* e *oxa50*.

Resultados: Os isolados foram submetidos aos testes de suscetibilidade de acordo com sítio de infecção e possibilidades terapêuticas na veterinária, sendo dois classificados como MDR. O *oxa50* foi amplificado em 24 isolados (68,5%), número maior do relatado em bancos de dados de genes de resistência (20,09% - CARD 2023), indicando a alta circulação de cepas carregando o gene. Um isolado apresentou resistência a aztreonam, imipenem e meropenem, indicando uma possível produção de serino-carbapenemase. O *oprD* foi amplificado em 5 isolados. O *parC* foi amplificado em 20 isolados, sendo 8 com perfil de resistência esperado e 12 sensíveis. 8 isolados resistentes às fluoroquinolonas são *parC* negativo, indicando outro mecanismo de resistência. Um isolado apresentou resistência a levofloxacino e sensibilidade com exposição aumentada ao ciprofloxacino, entretanto a utilização deste antibiótico no tratamento pode culminar na falha terapêutica devido a presença do *parC*.

Conclusão: Realizar o controle da circulação dos genes na comunidade e estudar os mecanismos moleculares de resistência na rotina clínica são fundamentais para criar medidas de controle da disseminação da resistência aos antibióticos. Discrepâncias encontradas entre fenótipo e o genótipo dos genes avaliados indicam a participação de outros genes e a necessidade de ampliar as análises moleculares.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2024.103989>

EP-064 - BACILOS GRAM NEGATIVOS PRODUTORES DE BETA LACTAMASE DE ESPECTRO ESTENDIDO E RESISTENTES A CARBAPENÊMICOS EM ANIMAIS DE COMPANHIA NA GRANDE SÃO PAULO

Giovana Montilha, Caroline Schwarzwälder, Gabriela Eun Ji Kim, Fabio Mitsuo Lima, Marjorie Mendes Marini, Dyana Alves Henriques

Centro Universitário São Camilo, São Paulo, SP, Brasil

Introdução: A OMS preconiza a implementação de sistemas de vigilância para monitorar a resistência e uso de antimicrobianos. Resistência aos antimicrobianos em animais pode impactar os humanos, pois compartilham bactérias e genes de resistência, sendo já relatado isolados oriundo de animais resistentes aos antibióticos de uso restrito humano. O aumento do número de animais de companhia, sua antropomorfização cria ambiente propício para a transferência interespecífica de bactérias resistentes a antimicrobianos. Torna-se necessário estudos nesse grupo de animais para guiar o uso racional de antimicrobianos na prática veterinária.

Objetivo: Realizar uma análise retrospectiva descritiva do perfil de susceptibilidade de bacilos gram-negativos isolados de amostras de urina de animais de companhia da grande São Paulo.

Método: Estudo retrospectivo observacional realizado entre fevereiro e abril de 2024 no setor de microbiologia de um laboratório de diagnóstico veterinário. Foram coletados os dados de urocultura provenientes de animais de companhia: microrganismo e perfil de resistência à antimicrobianos no teste de disco-difusão (CLSI-VET 2024; BRCAS, 2024).

Resultados: Do total de 662 amostras, 29,9% das uroculturas foram positivas, com 218 microrganismos isolados: *Escherichia coli* (56%), *Proteus* spp. (21,1%), *Klebsiella* spp. (14,6%), 13 *Enterobacter* spp. (6,0%) e *Pseudomonas* sp. (1,8%). *Inquilinus limosus*, *Serratia* sp. *Citrobacter* sp. e *Acinetobacter baumannii* foram identificadas em 0,5% das amostras. Nas espécies mais prevalentes 35 (17,7%) foram produtoras de BLEE sendo 23 *E. coli* e 12 *Klebsiella* spp. A expressão de carbapenemase foi analisada em 40 isolados: 2 *Klebsiella* spp., 1 *E. coli* e 1 *Enterobacter* spp. apresentaram resistência à meropenem, imipenem, ertapenem e aztreonam, sugerindo a síntese de carbapenemase da classe A de Ambler. Apesar de não apresentarem resistência ao imipenem, 23 isolados apresentaram resistência ao aztreonam, tornando-se necessários testes moleculares para identificar o mecanismo de resistência envolvido.

Conclusão: O isolamento de bactérias com potencial para produção de carbapenemases e de BLEE fora do ambiente hospitalar em urocultura provenientes de animais de companhia reforça a importância do monitoramento de bactérias resistentes nesses animais e destacando a importância da abordagem de saúde única no combate a resistência a antimicrobianos.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2024.103990>