Introdução/objetivo: Estudos prévios identificaram que pacientes internados em Unidades Terapia Intensiva (UTI) e colonizados por Micro-Organismos Multidroga-Resistentes (MDRO) apresentam risco aumentado de desenvolver Infecções Relacionadas à Assistência à Saúde (IRAS) por estes mesmos agentes. Este estudo teve o objetivo de avaliar fatores de risco para o desenvolvimento de IRAS em pacientes sabidamente colonizados por MDRO e internados em UTI.

Métodos: Entre janeiro e junho de 2023, todos os pacientes internados há mais 48 horas em UTI clínica, cirúrgica, neurológica e cardiológica do Hospital das Clínicas da Faculdade de Medicina de Botucatu foram submetidos semanalmente a coleta de swab oral, nasal e retal para identificação de colonizados. Todos eles foram avaliados quanto a presença de IRAS durante 30 dias, seguindo os critérios da Agência Nacional de Vigilância Sanitária de 2023, pela Comissão de Controle de IRAS da instituição. O método de regressão proporcional de Cox foi utilizado para avaliar os fatores de risco para desenvolvimento de IRAS entre os colonizados por MDRO, tanto em análise bivariada quanto múltipla, considerando-se significativo valores de p inferiores a 0,05.

Resultados: Foram identificados 127 pacientes colonizados. Enterobactérias resistentes à carbapenêmicos foram os agentes mais prevalentes de colonização (48,0%), seguido de Pseudomonas aeruginosa (15,0%) e complexo *Acinetobacter baumannii/calcoaceticus* (11,8%). Vinte e dois (17,3%) pacientes desenvolveram IRAS (densidade de incidência – DI=4,07/1000 pacientes-dia), com mediana de tempo entre colonização-infecção de 3 dias (2–16). Pneumonia associada à ventilação mecânica foi a infecção com maior DI (1,29/1000 pacientes-dia), seguida de traqueíte (1,11/1000 pacientes-dia), infecção do trato urinário associado à sondagem vesical de demora e infecção de pele e partes moles, ambas com DI=0,55/1000 pacientes-dia. Foram identificados como fatores independentes associados ao desenvolvimento de IRAS em pacientes colonizados por MDRO: escore de Charlson (Hazard Ratio – HR=1,21 [95% IC 1,04–1,40], p=0,01), uso de nutrição parenteral (HR=5,72 [95% IC 1,47–22,24], p=0,01) e uso prévio de polimixinas (HR=6,22 [95% IC 1,79–21,59), p=0,004).

Conclusão: Este estudo demonstra que a gravidade do paciente, uso de nutrição parenteral e tratamento antimicrobiano com polimixinas aumentam o risco de desenvolvimento de infecção em pacientes colonizados por MDRO internados em UTI.

Palavras-chave: Colonização , Infecção relacionada a assistência micro-organismos resistentes

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103366

GENÔMICA COMPARATIVA DE ISOLADOS CLÍNICOS DE PSEUDOMONAS AERUGINOSA RESISTENTES À COLISTINA

Bruno Luigi Bertuccelli[a,*],
Paula Mariana Salgueiro de Souza[b],
Ingrid Aparecida Pereira da Silva[b],
Anna Carolina Soares Almeida[a]

[a] *Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, PE, Brasil;*

[b] *Universidade de Pernambuco, Recife, PE, Brasil*

Introdução/Objetivo: Pseudomonas aeruginosa é um patógeno oportunista comumente reportado como causador de infecções em ambientes hospitalares, cujo tratamento está se tornando mais desafiador devido a sua emergência como patógeno Multirresistente (MDR). A colistina é um antibiótico de último recurso usada contra cepas MDR de P. aeruginosa. No entanto, com o aumento do uso de polimixinas, o surgimento de isolados de *P. aeruginosa* resistentes a essas drogas tem sido cada vez mais relatado em todo o mundo. Com base nesse contexto, esse estudo objetivou realizar uma comparação entre genomas de *P. aeruginosas* resistentes a colistina.

Metodologia: Este estudo foi realizado a partir da comparação de 46 genomas de *P. aeruginosa*, sendo 40 deles obtidos através do banco de dados do NCBI e 5 genomas, de isolados clínicos de P. aeruginosa resistentes a colistina provenientes dos serviços de microbiologia dos laboratórios de dois hospitais públicos da cidade do Recife/PE. As sequências foram analisadas com as ferramentas Geneious Prime® (Biomatters), MEGA (*Molecular evolutionary genetics analysis*) e BUSTED para alinhamento e análise comparativa, construção de árvores filogenéticas e busca por evidências de seleção positiva de 4 Sistemas de dois componentes (PhoPQ, PmrAB, ParRS, CprRS) presentes nas cepas de *P. aeruginosa* analisadas e previamente relacionados com a resistência a Colistina. A cepa PA01 foi utilizada como referência.

Resultados: Foi possível identificar SNPs importantes para a aquisição da resistência. Os genes responsáveis pela regulação (pmrA, phoP, parR, cprR) mostraram-se nos grupos de isolados resistentes mais consistentes quando comparados com os codificadores de histidina quinase. Os genes pmrB, parS e cprS, tiveram um número elevado de substituições pontuais quase sempre encontradas em cepas resistentes. As árvores filogenéticas demonstraram o mesmo caminho evolutivo para aquisição da resistência.

Conclusão: Não foi possível identificar SNPs de destaque em um dos TCSs dentre os demais em relação a resistência a Colistina. Os genes responsáveis pela codificação da proteína histidina quinase sofreram mais mutações que podem impactar a sua função, em relação aos seus complementos reguladores. As linhagens devem ter sofrido o mesmo caminho evolutivo, em um fenômeno de convergência adaptativa, como uma resposta à pressão seletiva imposta pela presença do antimicrobiano.

Palavras-chave: Resistência bacteriana a antibióticos , Bioinformática , Genética bacteriana

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103367

GENES DE RESISTÊNCIA AOS CARBAPENÊMICOS EM ISOLADOS CLÍNICOS DE DIFERENTES ESPÉCIES DA ORDEM ENTEROBACTERALES PROVENIENTES DE PACIENTES DE UM HOSPITAL DE RECIFE-PE

Lamartine Rodrigues Martins[*],
Maria Izabely Silva Pimentel, Érica Maria de Oliveira,
Elizabeth Maria Bispo Beltrão,
Ana Catarina Souza Lopes

Universidade Federal de Pernambuco (UFPE), Recife, PE, Brasil

Introdução/Objetivo: As bactérias da ordem Enterobacterales são um problema de saúde pública no Brasil, isoladas especialmente de IRAS e culturas de vigilância (swab retal) em hospitais, podendo apresentar resistência aos carbapenêmicos. O objetivo foi investigar a presença de genes de resistência aos carbapenêmicos blaKPC, blaNDM, blaGES, blaVIM, blaIMP e blaOXA-48-LIKE em isolados de Enterobacterales provenientes de pacientes de um hospital em Recife, PE.

Métodos: Foram selecionados 45 isolados resistentes a um ou mais carbapenêmicos por demanda espontânea, tanto de colonização quanto de sítios infecciosos. Inicialmente, foram cultivadas em placas com meio BHI (*Brain Heart Infusion*) e EMB (*Eosin Methylene Blue*). O perfil de susceptibilidade antimicrobiana foi determinado através do equipamento automatizado BD PhoenixTM. Após a confirmação, foi realizada a extração do DNA total e realizada a técnica de Reação em Cadeia da Polimerase para a identificação dos genes. Em seguida, foi realizado o sequenciamento dos amplicons.

Resultados: Foram analisados isolados clínicos provenientes de sítios infecciosos (n=33) e de culturas de vigilância (n=12). Sete espécies de Enterobacterales que possuíam os genes de resistência blaNDM e blaKPC. Entre elas, as espécies mais prevalentes foram *Klebsiella pneumoniae* (n=19), *Serratia marcescens* (n=8) e *Proteus mirabilis* (n=7), seguidas por *Providência stuartii* (n=5), *P. rettgeri* (n=3), *Enterobacter cloacae* (n=2) e *Morganella morganii* (n=1). Em relação ao gene blaKPC, *S. marcescens* foi a espécie com maior ocorrência (n=8), enquanto para o gene blaNDM, *K. pneumoniae* (n=15) e *P. mirabilis* (n=3) foram as mais frequentes. A co-presença dos genes blaNDM e blaKPC. foi observada em quatro espécies do estudo, sendo *P. stuartii* (n=4) a espécie de maior ocorrência nesse caso.

Conclusão: A detecção de múltiplas espécies portadoras dos genes blaKPC e blaNDM e o número maior de bla¬NDM, indicam uma disseminação significativa desses genes resistência. Tais resultados destacam a necessidade urgente de estratégias de controle de infecções, a fim de garantir que os pacientes tenham um nível de segurança aceitável, e não comprometendo a eficácia dos tratamentos disponíveis durante a estadia dentro do ambiente hospitalar.

Palavras-chave: Hospital , Infecções , Nosocomiais , Carbapenêmicos

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103368

GENES PARA CARBAPENEMASES BLAKPC E BLANDM EM ISOLADOS DE KLEBSIELLA PNEUMONIAE PROVENIENTES DE SÍTIOS DE INFECÇÃO E COLONIZAÇÃO DE PACIENTES DE UM HOSPITAL PÚBLICO DE RECIFE-PE

Lamartine Rodrigues Martins*,
Maria Izabely Silva Pimentel, Érica Maria de Oliveira,
Elizabeth Maria Bispo Beltrão,
Ana Catarina Souza Lopes

Universidade Federal de Pernambuco (UFPE), Recife, PE, Brasil

Introdução/Objetivo: As carbapenemases presentes em cepas de *Klebsiella pneumoniae* de pacientes internados constituem uma grave problemática para o tratamento, especialmente os genes blaKPC-2, e o blaNDM. Diante do exposto o objetivo desse trabalho foi investigar a presença dos genes de resistência aos carbapenêmicos blaKPC, blaNDM, blaGES, blaVIM, blaIMP e blaOXA-48-LIKE em isolados clínicos de *Klebsiella pneumoniae* provenientes de pacientes de um hospital de Recife-PE.

Métodos: Foram selecionadas 19 isolados clínicos resistentes aos carbapenêmicos por demanda espontânea, tanto de colonização (swab retal) quanto de sítios infecciosos de pacientes internados. O perfil de susceptibilidade antimicrobiana foi determinado através do equipamento automatizado BD PhoenixTM. Após a confirmação, foi realizada a extração do DNA total e realização da técnica de Reação em Cadeia da Polimerase para a identificação dos genes. Em seguida, foi realizado o sequenciamento dos amplicons.

Resultados: Foram identificados os genes blaKPC e blaNDM. Em relação ao blaKPC, sua presença foi detectada em três cepas, sendo duas originárias de culturas de vigilância e uma de hemocultura. Quanto ao blaNDM, foram identificadas 15 cepas, sendo nove provenientes de culturas de vigilância e seis de sítios infecciosos. Foi observada a co-presença dos genes blaKPC e blaNDM em uma cepa isolada de cultura de vigilância. Das amostras analisadas, dez foram obtidas de culturas de vigilância e nove de sítios infecciosos, incluindo dois casos de sangue, dois de ponta de cateter, dois de urina, um de secreção de ferida, um de tecido e um de fragmento ósseo.

Conclusão: Foi observada uma maior presença do gene blaNDM, independentemente da origem da amostra (infecção ou colonização), destacando a necessidade urgente de medidas de controle de infecções. Demonstrando a importância das culturas de vigilância, pois tais cepas estavam disseminadas no ambiente hospitalar, e caso não seja realizado o isolamento correto dos pacientes infectados por cepas que possuam os genes blaKPC e blaNDM, podem ocorrer surtos hospitalares ou mesmo a autoinfecção causada por tais cepas em casos de imunossupressão do paciente ou em falhas nos cuidados de higiene.

Palavras-chave: Hospital , Resistência , Bacteriana a Antibióticos , Beta-Lactamases

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103369

HEMOCULTURA POSITIVA PARA BACILLUS SPP.: INVESTIGAÇÃO E ANÁLISE DE CASOS

Fabiana Silva Vasques[c,*], Valeria Egea Bastos Gomes[c],
Aliana M. Fernandes[a], Cristhieni Rodrigues[b],
Luciana Rodrigues da Silva[c], Jara Libia Costa Louredo[c],
Leonardo B. Rodrigues[c], Raquel Keiko de Luca Ito[c],
Odeli Nicole Encinas Sejas[c], Camilada Silva B icalho[c],
Edson Abdala[c]

[a] *Alta Laboratório; Brasil;*
[b] *Dasa Laboratório; Brasil;*
[c] *Hospital DASA Nove de Julho, São Paulo, SP, Brasil*

Introdução/Objetivo: *Bacillus spp.* são bactérias em forma bastonetes, Gram positivas, podendo estar associadas a microbiota cutânea habitual ou a contaminação de amostras clínicas. No entanto, algumas espécies (*Bacillus cereus*), estão