

respectivamente. Um total de 93% (n = 65/70), 54% (n = 38/70) e 53% (n = 37/70) dos isolados carregavam enzimas modificadoras de aminoglicosídeos (AMEs), os genes de β -lactamases blaKPC-2 e blaTEM, respectivamente; a presença de diferentes tipos de plasmídeos foram identificadas. A análise da árvore filogenética mostrou dois principais grupos (A e B). O ST11 é o mais frequentemente encontrado entre os isolados no Brasil, embora outros STs também tenham sido observados. Além disso, identificamos dois isolados (ambiente e clínico) que compartilharam apenas 60 SNP, o que sugere que o mesmo clone pode estar circulando no ambiente.

Conclusão: A resistência fenotípica e genotípica aos aminoglicosídeos foi amplamente observada, mostrando uma distribuição heterogênea dos perfis de STs nos dois grupos e uma relação próxima entre as cepas de *K. pneumoniae* de origem humana, animal e ambiental. A presença dos plasmídeos sugere a possibilidade de transferência dos genes de resistência, destacando a importância da disseminação horizontal desses genes entre as diferentes origens.

Palavras-chave: *Klebsiella pneumoniae* Aminoglicosídeos One health Resistência antimicrobiana Genoma

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.102832>

CARACTERIZAÇÃO GENÔMICA DE ISOLADOS CLÍNICOS DE *KLEBSIELLA PNEUMONIAE* COM RESISTÊNCIA A CEFTAZIDIMA-AVIBACTAM PROVENIENTES DE DIFERENTES HOSPITAIS

Carlos Henrique Camargo^{a,*}, Amanda Yaeko Yamada^a,
Andreia Rodrigues de Souza^a,
Pedro Smith Pereira Ferraro^a,
Marcos Paulo Vieira Cunha^b, Daniel de Sena Miranda^a,
Maristela Pinheiro Freire^c,
Monique Ribeiro Tiba-Casas^a

^a Instituto Adolfo Lutz, São Paulo, SP, Brasil;

^b Universidade de São Paulo (USP), São Paulo, SP, Brasil;

^c Faculdade de Medicina da Universidade de São Paulo (FMUSP), São Paulo, SP, Brasil

Introdução/Objetivo: A bactéria *Klebsiella pneumoniae* resistente a carbapenêmicos é considerada um patógeno prioritário de acordo com a OMS e o CDC. No Brasil, há predomínio de *K. pneumoniae* produtora de KPC, considerada endêmica em diversos hospitais. Além da resistência a carbapenêmicos, geralmente os isolados de *Klebsiella* KPC+ apresentam resistência a outros fármacos, o que suscita a investigação de novos antimicrobianos/combinções com potencial efeito terapêutico. Um dos fármacos mais recentes introduzidos no mercado é ceftazidima-avibactam (CZA), que apresenta atividade contra KPC mas não contra metalo-carbapenemases. A resistência a CZA ainda é pouco reportada, mas deve ser monitorada a fim de preservar sua atividade. Neste estudo, objetivamos realizar a caracterização fenotípica e genômica de três isolados de *K. pneumoniae* com resistência a CZA enviadas a nosso laboratório de referência.

Métodos: Os isolados foram identificados por MALDI-TOF MS e submetidos a teste de sensibilidade por disco difusão e/ou microdiluição em caldo (para polimixina B, colistina e ceftazidima-avibactam). O DNA total bacteriano foi extraído por

kit comercial e sequenciado nas plataformas Illumina e Oxford Nanopore (para caracterização completa dos plasmídeos). As análises foram realizadas por ferramentas de bioinformática.

Resultados: De 97 isolados investigados, três (3%) apresentaram resistência a CZA (MIC > 32 mg/L), sendo dois sensíveis à polimixina e colistina (MIC = 0,125), e foi resistente (MIC = 32 mg/L). A resistência a imipenem e meropenem foi observada apenas em um destes isolados; os outros dois tiveram a sensibilidade aos carbapenêmicos preservada. A análise molecular acusou a identificação dos alelos KPC-33 (n = 2) e KPC-44 (n = 1), em isolados pertencentes aos sequence types ST11, ST258 e ST6326. Os genes blaKPC-33 e blaKPC-44 foram encontrados em diferentes plasmídeos, na seguinte configuração: KPC-33/IncFIIK-IncFIB(pKpQil)/ST6326; KPC-33/IncN/ST11; KPC-44/IncX3-IncU/ST258.

Conclusão: A resistência a CZA observada nestes três isolados é atribuída à presença de variantes do gene blaKPC-2. Por estarem localizados em diferentes plasmídeos em diferentes clones bacterianos provenientes de diferentes hospitais, a possibilidade de disseminação clonal pode ser descartada, sugerindo atuação da pressão de seleção como maior contribuinte para emergência da resistência a CZA.

Palavras-chave: avibactam resistência plasmídeos illumina Minion

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.102833>

CURVA ABC COMO FERRAMENTA PARA PRIORIZAR ESTRATÉGIAS DE GERENCIAMENTO DE ANTIMICROBIANOS

Marinei Campos Ricieri*,
Beatriz Nayra Dias de Andrade, Kharol Neves,
Laura de Almeida Lanzoni, Bianca Sestren,
Harli Pasquini Netto, Fábio de Araújo Motta
Hospital Pequeno Príncipe, Curitiba, PR, Brasil

Introdução/Objetivo: No Brasil, de acordo com a Anvisa, mais da metade dos hospitais não tem implementado Programas de Gerenciamento de Antimicrobianos (PGA). Uma das dificuldades é o insuficiente número de profissionais para isso. Com a limitação de recursos, estratégias são essenciais para gerenciar os principais antimicrobianos (ATM), em termos de consumo e custos. Uma ferramenta de gestão que auxilia nessa escolha é a Curva ABC, que classifica os itens de acordo com a quantidade consumida e o impacto financeiro. O objetivo desse trabalho foi analisar a Curva ABC de um hospital de alta complexidade e com PGA implantado para direcionar estratégias para o gerenciamento de ATM, que impactem principalmente em redução de custos.

Métodos: Estudo retrospectivo e quantitativo de levantamento de dados das Curvas ABC de um hospital pediátrico do Sul do Brasil. O período de análise foi de 2019 a 2022. O relatório da Curva ABC foi obtido pelo sistema de gestão hospitalar e reflete o consumo (n° frascos) e despesas (preço de custo) com medicamentos. Foram calculados a representatividade média anual (%) do ATM em relação ao total de medicamentos padronizados e os ATM foram divididos em categorias (antibiótico, antifúngico e antivirais).

Resultados: A representatividade média dos custos de ATM foi de 19,8% em relação ao total de medicamentos. Esse dado corrobora com a literatura que prevê que as despesas hospitalares com medicamentos é de 20 a 50% destinada aos ATM. O Meropenem foi o item mais consumido nos 4 anos analisados. Por meio desse resultado, o PGA da referida instituição priorizou a estratégia de carbapenem-sparing para gerenciar com critérios bem definidos o uso de meropenem, sobretudo fora das unidades críticas. Em relação aos custos, as maiores despesas com ATM foram: Meropenem (2019), Micafungina (2020 e 2021) e Anfotericina B lipossomal (2022). Sobre a categorização dos ATM do ponto de vista do custo, os antibióticos representaram uma média de 46%, antifúngicos 42% e antivirais 12%. Isso sugere que o antifúngico tem um alto impacto financeiro, embora a quantidade de itens seja 4x menor que os antibióticos. Ou seja, um Antifungal Stewardship Program é estratégico para esta instituição.

Conclusão: A curva ABC permitiu identificar quais os ATM foram mais impactantes do ponto de vista de consumo (meropenem) e custo (antifúngicos) e definir e/ou priorizar estratégias direcionadas de gerenciamento, principalmente na perspectiva da gestão financeira.

Palavras-chave: Curva ABC Gerenciamento Antimicrobianos Custos

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.102834>

DELAFLORACINO PARA O TRATAMENTO DE INFECÇÕES COMPLICADAS DE PELE E PARTES MOLES

Raquel Keiko de Luca Ito*, Caroline Thomaz Panico, Regia Damous Fontenele Feijo, Yu Ching Lian, Aline Santos Ibanes, Sayonara Scotta, Aline Aparecida Carneiro de Souza, Nilton José Fernandes Cavalcante

Instituto de Infectologia Emílio Ribas (IIER), São Paulo, SP, Brasil

Introdução/Objetivo: Delafloxacino é uma fluoroquinolona recentemente aprovada para o tratamento de infecções de pele e partes moles (IPPM) e pneumonia adquirida na comunidade. O objetivo deste estudo é descrever o uso desta droga para o tratamento de IPPM complicadas.

Métodos: Estudo descritivo retrospectivo, em um hospital público estadual de ensino e referência em infectologia. Foi feita a revisão dos prontuários eletrônicos de pacientes com IPPM complicadas que receberam delafloxacino por pelo menos dois dias, de outubro de 2022 a abril de 2023. Pacientes com infecção em outros sítios ou que receberam terapia combinada com outros antimicrobianos foram excluídos.

Resultados: Foram identificados oito pacientes com IPPM complicada que receberam delafloxacino no período do estudo, sendo cinco do sexo masculino. A mediana de idade foi de 44 anos (25-71 anos). As comorbidades encontradas foram: HIV/AIDS (quatro casos); uso de drogas (três casos); hipertensão (dois casos); tabagismo (dois casos); etilismo (dois casos); diabetes (um caso). Os agentes isolados foram: *S. aureus* resistente à metilina (MRSA), *S. pyogenes*, *P. aeruginosa*, *Enterobacter cloacae* e *E. coli*. Dois pacientes tinham

MRSA isolado em culturas anteriores (biópsia de pele e secreção de abscesso). Todos haviam recebido terapia antimicrobiana previamente: ceftriaxona mais oxacilina (três casos); ceftriaxona mais doxiciclina; ceftriaxona mais clindamicina; vancomicina mais piperacilina-tazobactam; penicilina benzatina; amoxicilina. O tempo de uso de delafloxacino variou de 2 a 15 dias (mediana de quatro dias). Nenhum dos pacientes interrompeu o uso do antimicrobiano por toxicidade. Quase todos os pacientes (7/8) receberam alta com antibióticos por via oral: sulfametoxazol-trimetoprim em monoterapia (dois casos) ou em associação com quinolona (dois casos) ou com fluconazol (um caso); levofloxacino (um caso); amoxicilina-clavulanato (um caso).

Conclusão: Nesta série de casos, o delafloxacino se mostrou uma droga segura e eficaz para o tratamento de infecções complicadas de pele e partes moles, incluindo pessoas vivendo com HIV/AIDS. *S. aureus* resistente à metilina foi o agente mais isolado. Dados de vida real do uso deste antimicrobiano ainda são raros. Quase todos os pacientes tiveram o esquema antimicrobiano modificado na alta hospitalar, uma vez que a apresentação da droga por via oral não está disponível no país.

Palavras-chave: antimicrobiano infecção de pele e partes moles delafloxacina

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.102835>

DESENVOLVIMENTO, CARACTERIZAÇÃO E ANÁLISE IN VITRO DE NANOSSISTEMA FRENTE AO MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS SENSÍVEL E RESISTENTE

Luanna de Ângelis Correia de Sousa^{a,*}, Ana Lucia Figueiredo Porto^b, Jaqueline Rodrigues da Silva^c, Mariane Cajubá de Britto Lira Nogueira^a, Gabriel Dornelas Guimarães^a, Giovanna Gabriela Pedroza Rodrigues^a, Milena Brandão de Lima^b, Danielle Martiniano da Silva Rodrigues^d, Renata Inglez de Souza Tejo^d, Kessia Kelly Batista da Silva^d, João Paulo de Lucena Laet^d, Haiana Charifker Schindler^d, Lilian Maria Lapa Montenegro^d

^a Universidade Federal de Pernambuco (UFPE), Recife, PE, Brasil;

^b Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE), Recife, PE, Brasil;

^c Centro de Tecnologias Estratégicas do Nordeste (CETENE), Brasil;

^d Instituto Aggeu Magalhães (IAM), Fundação Oswaldo Cruz (Fiocruz), Recife, PE, Brasil

Introdução/Objetivo: A tuberculose (TB) é uma bactéria de morfologia bacilar, causado pelo *Mycobacterium tuberculosis* (Mtb). Apesar de dispor de tratamento, um dos desafios no combate à doença é a não adesão adequado ao tratamento, que junto a capacidade mutável e adaptável do bacilo contribuem para o surgimento de estirpes resistentes. Assim, novas