STAPHYLOCOCCUS AUREUS RESISTENTE À METICILINA DE COLONIZAÇÃO NASAL DE PACIENTES INTERNADOS EM UTIS DE UM HOSPITAL DO RIO DE JANEIRO NA PANDEMIA DE COVID-19: ASPECTOS ASSOCIADOS À VIRULÊNCIA E À TOLERÂNCIA AOS SANEANTES

Thaís Campos Macharete*,
Tamara Lopes Rocha de Oliveira, Evellyn Max Guedes, Gabriel Freire Igari, Andryelle Cristina de Sant'Ana, Claudia Regina da Costa, Adriana Lúcia Pires Ferreira, Simone Aranha Nóuer, Fernanda Sampaio Cavalcante, Kátia Regina Netto dos Santos

Universidade Federal do Rio de Janeiro (UFRJ), Rio de Janeiro, RJ, Brasil

Introdução: *Staphylococcus aureus* possui amplo repertório de fatores de virulência e capacidade de formação de biofilme. A colonização prévia por cepas de S. aureus Resistentes à Meticilina (MRSA) é fator de risco para desenvolvimento de infecções invasivas, que apresentam prognóstico reservado. Na pandemia de COVID-19 houve maior uso de antimicrobianos e saneantes, com pressão seletiva sobre os microrganismos, acarretando possível resistência a estes agentes.

Objetivo: Avaliar a prevalência de genes de virulência e a produção de biofilme, assim como a tolerância a saneantes em amostras MRSA isoladas de swabs nasais de vigilância de pacientes internados em UTIs de um hospital durante a pandemia. Métodos: A espécie foi confirmada por MALDI-TOF-MS. A confirmação da resistência à meticilina foi realizada por disco difusão e o tipo de SCCmec por PCR. A presença de genes associados a virulência [toxinas (pvl e cluster egc: seg, sei, sem, sen, seo) e adesinas (ebps, fnbpB, cna, bbp, sasX)] e a saneantes (qacA/B e smr) foram detectados por PCR. A formação de biofilme foi avaliada em placas de microtitulação.

Resultados: De um total de 10.408 pacientes internados entre setembro/2020 e setembro/2021 nas UTIs COVID (UTIc) e não-COVID (UTInc), 256 swabs foram positivos para *S. aureus*, sendo 79 da UTIc e 177 da UTInc. Entre as 93 (36,3%) amostras MRSA, 33 (41,8%, 33/79) eram da UTIc, e 57% destas carreavam o SCCmecIV enquanto 33% tinham o tipo II. Entre as 60 (33,9%, 60/177) amostras MRSA da UTInc, 78,3% e 16,6% carreavam os SCCmecIV e II, respectivamente, sendo demonstrada uma correlação do tipo IV com a UTInc (p<0,01). Os genes de virulência ebps, cluster egc, fnbpB e cna foram detectados em mais de 50% das amostras. O gene fnbpB e o cluster egc foram associados ao SCCmecII (p<0,01), enquanto o gene pvl ao SCCmecIV (p<0,01). O gene smr foi positivo em 65,5% das amostras, sendo mais frequente na UTIc (p<0,01). Em relação à produção de biofilme, 48,4% das amostras foram classificadas como fortes ou moderadas.

Conclusão: O estudo mostra alta frequência de genes de virulência e de tolerância à saneantes entre amostras MRSA isoladas nas UTIs durante a pandemia, além de muitas apresentarem alta capacidade de formação de biofilme. Esses aspectos indicam possível pressão seletiva e disseminação de amostras no ambiente hospitalar, muitas destas associadas à comunidade com SCCmec IV, e a necessidade de estratégias para prevenir a colonização por amostras multirresistentes.

Palavras-chave: MRSA virulência saneantes , COVID-19 swab nasal

https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103423

STAPHYLOCOCCUS AUREUS RESISTENTES À METICILINA ASSOCIADOS À COMUNIDADE: CARACTERIZAÇÃO DE LINHAGENS EMERGENTES EM HOSPITAIS

Mariana Fernandes Augusto de Oliveira[b,*],
Gabriela Furtado de Aguiar[b],
Ana Luisa Andrade-Oliveira[b],
Marcia Giambiage de Marval[b],
Scarlathe Bezerra da Costa[b],
Eliane de Oliveira Ferreira[b], Danielle Dutra Voigt[c],
Raiane Cardoso Chamon[a],
Kátia Regina Netto dos Santos[b]

[a] *Universidade Federal Fluminense (UFF), Niterói, RJ, Brasil;*
[b] *Universidade Federal do Rio de Janeiro (UFRJ), Rio de Janeiro, RJ, Brasil;*
[c] *Universidade do Grande Rio – Unigranrio-Afya, Duque de Caxias, RJ, Brasil*

Introdução: *Staphylococcus aureus* Resistente à Meticilina (MRSA) é associado a infecções nosocomiais. Clones MRSA comunitários (CA-MRSA, Community-Associated) apresentam elevada virulência e têm sido isolados em hospitais no mundo. No Brasil, o clone CA-MRSA USA1100/ST30/SCCmecIV tem emergido em hospitais, mas são raros os estudos sobre aspectos associados à sua emergência.

Objetivo: Identificar e comparar fatores de virulência e resistência aos antimicrobianos entre amostras CA-MRSA dos clones USA1100/ST30 e USA300/ST8.

Métodos: Amostras MRSA ST30 (n=30) e ST8 (16) isoladas na cidade do Rio de Janeiro foram avaliadas quanto à susceptibilidade aos antimicrobianos por disco difusão e Concentração Mínima Inibitória (CMI). A detecção de genes de virulência e dos operons agr e ACME foi realizada por PCR. A produção de biofilme e sua composição bioquímica foram avaliadas por testes semiquantitativos. Testes in vivo com Tenebrio molitor permitiram avaliar a patogenicidade das amostras.

Resultados: Amostras ST8 foram resistentes à ciprofloxacina (81,3%) e eritromicina (75%), enquanto as ST30 somente a eritromicina (13,3%). As CMIs de oxacilina variaram de 4 a 256 mg/L, e para vancomicina foram CMI50=1 e CMI90=2. Cepas de infecção de corrente sanguínea foram mais resistentes do que as de outros sítios (p-valor<0,05). Os genes de virulência bbp, cna, seg, sem,sen e seo só foram detectados em amostras ST30, enquanto o gene fnbB só em USA300. Exceto por duas amostras ST30, todas carreavam os genes da PVL. Dentre as amostras ST8, 75% carreavam ACME-I e agr 1, enquanto as USA1100 apresentaram o agr 3. A produção de biofilme foi observada em 97% e 100% das amostras ST30 e ST8, respectivamente, com composição proteica e de DNA. A clonalidade não impactou a patogenicidade das cepas, mas amostras ST8 mostraram maior tendência a letalidade (p-valor<0,05). Cepas de colonização nasal foram menos letais do que de infecções (p-valor<0,05).