

Lyme do Hemisfério Norte. Apresenta manifestações clínicas sistêmicas e eritema migratório (EM), lesão de pele patognômica. O agente etiológico difere das borrelias descritas e não é cultivável em meio BSK. O Western Blotting (WB) é preconizado para diagnóstico com o uso como antígeno de bactéria nativa e bandas (kDa) de proteínas específicas na interpretação do mesmo. No Brasil, empregamos extrato da *Borrelia burgdorferi* (Bb) de origem americana e a interpretação do resultado é pelo número de bandas para IgG ou IgM, resulta em baixa especificidade. A identificação de proteínas da Bb reconhecidas por anticorpos de pacientes diagnosticados clinicamente com BB (EM, manifestações sistêmicas e história recente de picada) aumentaria a especificidade do teste.

Objetivo: Tornar o WB para BB mais específico para auxiliar na prática clínica.

Metodologia: Trinta doentes com BB foram selecionados. Vinte casos com febre maculosa (n=5), chikungunya (n=5), doença neurológica (n=5) e pessoas saudáveis (n=5) compuseram o grupo controle. As proteínas da Bb foram separadas em gel à 10% SDS-PAGE e transferidas para membrana de nitrocelulose (NC). As tiras de NC foram incubadas com cada soro e com anticorpos secundários anti-IgG ou IgM conjugados à fosfatase alcalina. Como controles positivos foram usados soro policlonal de coelho imunizado com Bb e soros americanos IgG ou IgM positivos.

Resultado: Anticorpos de doentes com BB reconheceram 20 bandas para IgG (17, 18, 21, 26, 31, 34, 37, 38, 41, 43, 46, 50, 56, 60, 66, 68, 74, 80, 95, 110kDa) e 13 bandas para IgM (18, 22, 26, 31, 34, 35, 41, 46, 49, 52, 66, 78, 95 kDa). Observou-se reatividade cruzada contra 17, 18, 21, 26, 56, 68 e 74kDa para IgG e 18, 34 e 52kDa para IgM. O soro policlonal IgG reconheceu as bandas 14, 22, 32, 41, 46, 68 e 95kDa. O soro IgG americano reagiu contra 18, 21, 28, 30, 39, 41, 45, 58, 66 e 93kDa e o IgM contra 12, 17, 23, 26, 31, 34, 41, 46, 66, e 95kDa. Ao analisar a frequência da reatividade humoral do grupo BB e comparar com o grupo controle, identificamos especificidade para as bandas IgG: 31, 41, 46, 60, 80, 95 e 110kDa e para as bandas IgM: 26, 31, 34, 41, 46 e 95kDa.

Discussão/conclusão: Na ausência do antígeno autóctone, a seleção dos pesos moleculares específicos para BB aprimora o WB. Estudos futuros de sensibilidade e especificidade oferecerão maior acurácia.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2018.10.041>

Área: MICROBIOLOGIA/IRAS

Sessão: MICROBIOLOGIA/Iras

OR-41

DETERMINAÇÃO GENOTÍPICA DE FATORES DE VIRULÊNCIA DE STAPHYLOCOCCUS AUREUS ISOLADOS DE INDIVÍDUOS DIABÉTICOS INSULINO-DEPENDENTES



Nathalia Bibiana Teixeira, Matheus Cristovam Souza, Thais Aline Monteiro Pereira, Bibiana Prada de C. Colenci, Carlos Magno C. Branco Fortaleza, Maria Lourdes R.S. Cunha

Faculdade de Medicina de Botucatu, Universidade Estadual Paulista (Unesp), Botucatu, SP, Brasil

Ag. Financiadora: Capes

Nº. Processo: -

Data: 19/10/2018 - Sala: 3 - Horário: 15:40-15:50 - Forma de Apresentação: Apresentação oral

Introdução: *Staphylococcus aureus* é comumente relacionado a quadros infecciosos graves tanto em infecções hospitalares quanto nas adquiridas na comunidade, além de ser capaz de colonizar indivíduos saudáveis. Indivíduos diabéticos, em especial aqueles que fazem uso diário de insulina, são considerados grupos de risco para infecções graves.

Objetivo: Analisar o potencial patogênico de isolados de *S. aureus* sensíveis e resistentes à meticilina (MSSA e MRSA) através da detecção dos genes das enterotoxinas (sea, seb e sec-1), toxina da síndrome do choque tóxico (tst), leucocidina de Panton-Valentine (pvl), hemolisinas alfa e delta (hla e hld), toxinas esfoliativas (eta, etb) e biofilme (operon icaADBC).

Metodologia: Foram estudadas 102 amostras de *S. aureus* obtidas a partir da coleta de swab nasal e orofaríngeo de 279 indivíduos diabéticos insulino-dependentes do município de Botucatu, SP. As colônias foram isoladas em Ágar Baird-Parker, meio seletivo para *Staphylococcus spp.*, identificadas e submetidas às reações de Polymerase Chain Reaction (PCR) para detecção do gene de resistência à meticilina (mecA) e dos genes de virulência descritos acima.

Resultado: Dos 102 isolados de *S. aureus*, 13 apresentavam o gene mecA, eram, portanto, MRSA. Quanto à análise dos fatores de virulência, no geral notou-se que 62,7% (64) dos isolados carregavam pelo menos um dos três genes das enterotoxinas testadas (sea, seb e sec-1), 10,7% (11) carregavam o gene tst da síndrome do choque tóxico e apenas uma amostra foi positiva para o gene eta das esfoliatinas. Para as hemolisinas, a análise revelou que 80,4% (82) das amostras tinham ambos os genes testados (hla e hld). Apenas 6,9% (sete) das amostras tinham o operon ica completo (icaADBC) para produção de biofilme, embora 92,1% (94) tivessem os genes icaA e icaD, simultaneamente. Nenhuma das amostras de *S. aureus* do estudo carregava o gene etb ou pvl. Em relação às amostras de MRSA, observou-se que 92,3% (12) tinham os genes icaA e icaD do biofilme, 53,8% (sete) foram positivas para o gene da enterotoxina A (sea), 84,6% carregavam o gene hla e 92,3% (12) carregavam o gene hld.

Discussão/conclusão: A análise do perfil de virulência demonstrou o alto grau de patogenicidade dos isolados resistentes (MRSA) e dos sensíveis (MSSA) carregados pelos

diabéticos. Uma vez que esses indivíduos são mais suscetíveis às infecções persistentes, a colonização com cepas potencialmente patogênicas pode contribuir para disseminação de isolados virulentos e dificultar o tratamento de infecções na população estudada.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2018.10.042>

OR-42

BACTEREMIA POR ENTEROBACTÉRIA RESISTENTE A CARBAPENÊMICOS: EPIDEMIOLOGIA, FATORES DE RISCO, TIPO DE TERAPIA E DESFECHO CLÍNICO EM UM HOSPITAL GERAL DO INTERIOR PAULISTA



Paula Fernanda Gomes Telles, Christian Cruz Hofling, Ines H.B.L. Saraiva, Christiane Ambrosio do Nascimento, Roselena Pechoto de Oliveira, Rogerio Kuboyama, Neide Aparecida da Silva, Marinete Rodrigues Pereira

Hospital Municipal Dr. Mário Gatti, Campinas, SP, Brasil

Data: 19/10/2018 - Sala: 3 - Horário: 15:50-16:00 - Forma de Apresentação: Apresentação oral

Introdução: O tratamento das infecções por enterobactérias resistentes a carbapenêmicos (ERCs) é um desafio devido à falta de opções terapêuticas, toxicidade das drogas e pouca evidência quanto à melhor estratégia disponível.

Objetivo: Avaliar epidemiologia, fatores de risco, tipo de terapia e influência no desfecho clínico de pacientes com infecções bacterêmicas por ERCs em nosso serviço.

Metodologia: Estudo retrospectivo que incluiu pacientes atendidos em um hospital geral do interior paulista de janeiro de 2015 a junho de 2018 diagnosticados com infecções por ERCs e hemoculturas positivas. Os prontuários disponíveis foram avaliados e os dados compilados e analisados através do sistema Microsoft Office Excel[®] e do site Open Epi[®]. Valores de $p < 0,05$ foram considerados significativos.

Resultado: Foram incluídos 29 pacientes com infecção bacterêmica por ERC e hemocultura positiva. Dezesete (59%) eram do gênero masculino e a mediana foi de 65 anos. Os principais motivos de internação foram abdome agudo (14%), cirurgia abdominal eletiva (10%) e pneumonia (10%) e a comorbidade mais prevalente foi tumor de órgãos sólidos (38%). O diagnóstico foi feito em média 17 dias após a internação com maior incidência na UTI adulto (41%). Os principais sítios primários foram corrente sanguínea (52%) e peritonite (17%). Todos os pacientes receberam antimicrobianos previamente, 66% penicilina/inibidor de β lactamase, 55% carbapenêmico e 45% cefalosporinas de 3/4a geração. Vinte pacientes (69%) receberam tratamento antimicrobiano em média três dias após a coleta da hemocultura. Desses, 16 (80%) receberam monoterapia com polimixina B/E em 60% dos casos. A combinação de polimixina E e amicacina foi usada nos casos de terapia dupla. A mortalidade geral foi de 69% (20/29) e semelhante no grupo que recebeu monoterapia quando comparada com a dos que receberam terapia dupla, 12/16 (75%) x 2/4 (50%), ($p = 0,54$). Entretanto, os que evoluíram

para óbito apresentavam maiores índices de gravidade de Charlson ($p = 0,016$) e Pitt score ($p < 0,001$) ao diagnóstico.

Discussão/conclusão: Infecções por ERCs são um problema de saúde crescente em nosso meio, particularmente em pacientes idosos, com patologias intra-abdominais, doença oncológica associada, necessidade de terapia intensiva e exposição prévia a antimicrobianos de largo espectro. Não foi possível observar o efeito do tipo de terapia no desfecho dos pacientes, porém a gravidade clínica e doenças de base podem ter contribuído para a mortalidade em nosso estudo.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2018.10.043>

OR-43

IMPACTO DO CLONE ST16 NA LETALIDADE DE PACIENTES COM INFECÇÃO DA CORRENTE SANGUÍNEA POR KLEBSIELLA PNEUMONIAE PRODUTORA DE KPC



Priscila Pereira Dantas, Diego Olivier Andrey, Willames Brasileiro Martins, Ana Cristina Gales, Eduardo Alexandrin Medeiros

Escola Paulista de Medicina (EPM), Universidade Federal de São Paulo (Unifesp), São Paulo, SP, Brasil

Data: 19/10/2018 - Sala: 3 - Horário: 16:00-16:10 - Forma de Apresentação: Apresentação oral

Introdução: A disseminação de cepas de *Klebsiella pneumoniae* produtoras de carbapenemase (kpn-KPC) no Brasil tornou-se um sério problema de saúde pública, tendo em vista as reduzidas opções terapêuticas e a alta mortalidade relacionadas a infecções por esse agente.

Objetivo: Avaliar as características moleculares e seu impacto no desfecho clínico de pacientes com bacteremia por kpn-KPC.

Metodologia: Foi feita avaliação de 125 isolados de kpn-KPC, obtidos a partir de hemoculturas de pacientes admitidos em hospital universitário, de 2014 a 2016. A identificação dos agentes foi feita inicialmente a partir do método automatizado Phoenix e posteriormente por espectrometria de massa (MALDI-TOF). A produção de carbapenemase foi confirmada por reação em cadeia de polimerase (PCR). A tipagem molecular das cepas foi feita com *Pulsed-field Gel Electrophoresis* (PFGE) e *Multilocus Sequence Typing* (MLST). Os dados clínicos foram obtidos por meio de revisão de prontuários.

Resultado: Entre os 125 casos, a mortalidade geral em 72 h foi de 30% e em 30 dias foi de 64%. A análise de MLST mostrou que 92 isolados pertenciam ao CC258 (ST258 $n = 42$, ST11 $n = 37$, ST437 $n = 13$), 19 ao ST16 e 14 a outros STs (ST15 $n = 6$, ST101 $n = 4$, ST307 $n = 2$, ST29 $n = 1$ e um novo ST $n = 1$). Óbito em 72 h ocorreu em 26% entre CC258, 24% entre ST11 e 47% entre ST16 ($p = 0,04$). Óbito em 30 dias ocorreu em 55% entre CC258, 54% entre ST11 e 95% entre ST16 ($p < 0,01$). Choque séptico ocorreu em 49% no CC258, 51% no ST11 e 72% no ST16 ($p = 0,06$). Foi calculado score de comorbidade de Charlson, obteve-se média de 5,3 no CC258, 5,2 no ST11 e 4,6 no ST16 ($p = 0,2$). A mediana do score de bacteremia Pitt foi de 6 no CC258, 3 no ST11 e 4,5 no ST16 ($p = 0,04$), enquanto que a média do Apache II foi de 24,4 no CC258, 23,8 no ST11 e 28,2 no ST16 ($p = 0,09$). Em relação