

Introdução: A criptococose é uma micose sistêmica que pode se disseminar por via hematogênica ou linfática, a depender do perfil imunológico de cada paciente. Essa moléstia é causada pela levedura encapsulada da espécie *Cryptococcus neoformans*, que tem como reservatório os pombos, em suas fezes há grande quantidade de esporos desse fungo que, ao estar na forma de aerossóis, podem ser inalados e infectar os pacientes.

Objetivo: Avaliar a relação entre a presença de pombos e suas excretas no telhado de hospitais com infecção hospitalar por criptococose em pacientes imunocomprometidos.

Metodologia: Foi analisado o prontuário de uma paciente de 59 anos internada em enfermaria da oncologia, em 2016, com leucemia mielogênica aguda como doença de base. Essa paciente foi submetida à quimioterapia e evoluiu com neutropenia severa. Concomitantemente à sua permanência na enfermaria, houve limpeza do telhado do hospital para remoção de dejetos e fezes de aves, inclusive de pombos. Concluiu-se, portanto, que ao higienizar de forma inadequada o telhado do referido hospital, aerossóis de esporos da levedura *Cryptococcus neoformans* foram inalados pela paciente. Desse modo, a infecção pelo fungo, juntamente com a fragilidade do sistema imunológico dessa paciente, proporcionou a forma disseminada da doença, em que, além dos pulmões, houve acometimento hepatoesplênico. Ademais, requereu internação em unidade de terapia intensiva por apresentar insuficiência respiratória aguda. Diante disso, o diagnóstico de criptococose foi confirmado através de biópsia pulmonar e contraímunoelctroforese para fungos. Ambos os métodos elucidaram a presença de *Cryptococcus sp*, no ensaio imunológico houve titulação de 1/64 para essa levedura.

Discussão/conclusão: Na situação relatada optou-se por tratar a paciente com anfotericina b lipossomal devido à suspeição inicial de infecção por *Aspergillus sp*. Dessa forma, perante a não evolução para melhoria e de posse da tipologia do fungo causador da patologia, mudou-se o esquema terapêutico para fluconazol, obteve-se como resultado a remissão total da infecção na paciente. Logo, a análise desse caso clínico chama a atenção para o risco da presença de pombos e suas excretas nos telhados de hospitais, haja vista que tanto o intemperismo quanto ações antrópicas, no que se refere às formas inapropriadas de assepsia dos ambientes que contêm fezes dessas aves, podem favorecer o surgimento de casos de infecção hospitalar por *Cryptococcus neoformans*, principalmente em pacientes imunocomprometidos.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2018.10.240>

Área: DOENÇAS EMERGENTES E REEMERGENTES/MEDICINA TROPICAL

Sessão: MICROLOGIA

EP-179

IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR DOS CRYPTOCOCCUS SPP ISOLADOS DE PACIENTES COM CRIPTOCOCOSE



Erika Nascimento, Patricia H.G. Barião, Marcia R.V.Z. Kress, Roberto Martinez

Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto (FMRP), Universidade de São Paulo (USP), Ribeirão Preto, SP, Brasil

Ag. Financiadora: Faepa/Capes

Nº. Processo: -

Data: 19/10/2018 - Sala: TV 5 - Horário: 13:37-13:42 - Forma de Apresentação: E-pôster (pôster eletrônico)

Introdução: A criptococose acomete maior proporção indivíduos imunocomprometidos, mas também pode acometer indivíduos imunocompetentes. A relação entre a condição imunológica do paciente e a espécie causadora da infecção tem sido muito estudada com o objetivo de melhor compreender essa infecção fúngica. Além disso, o isolamento e a identificação desses isolados são essenciais para analisar e avaliar as diferenças genéticas, a fim de obter uma melhor compreensão da epidemiologia, patogenia, virulência e susceptibilidade aos antifúngicos dessas espécies.

Objetivo: Determinar as espécies e os tipos moleculares de *Cryptococcus spp*. isolados de pacientes do Hospital da Clínicas de Ribeirão Preto, oriundos do HCFMRP-USP, obtidos de 2000 a 2017 e correlacionar com a condição imunológica dos pacientes.

Metodologia: Todos os isolados foram genotipados por PCR com os primers CN70 e CN49 para determinação da espécie. A técnica de PCR- RFLP, amplificação do gene URA5 e posterior restrição enzimática com HhaI e Cfr13I foi usada para obtenção do tipo molecular, que foram *C. neoformans* (VNI, VNII, VNIII e VNIV) e *C. gattii* (VGI, VGII, VGIII e VGIV). A identificação dos isolados como *C. gattii* e *C. laurentii* foi confirmada pelo sequenciamento das regiões ITS.

Resultado: De 234 isolados clínicos de *Cryptococcus spp.*, 211 isolados foram identificados como *C. neoformans*, 21 como *C. gattii* e dois como *C. laurentii*. Dos 211 isolados identificados como *C. neoformans*, 203 isolados clínicos são do tipo molecular VNI, seis são VNII e dois não foi possível determinar. Já para os 21 isolados clínicos identificados como *C. gattii*, todos são do tipo molecular VGII. Correlacionando as espécies identificadas e a condição imunológica do paciente, foram verificados 177 isolados de pacientes coinfectados pelo HIV (Grupo 1) e 54 isolados de pacientes não coinfectados pelo HIV (Grupo 2). Nos Grupos 1 e 2, a maioria dos isolados identificados foi *C. neoformans*, 175 (98,8%) e 33 isolados (61,1%), respectivamente. O Grupo 2 teve maior percentual de *C. gattii* em relação ao Grupo 1 (35%).

Discussão/conclusão: A maioria dos isolados clínicos foi identificada como *C. neoformans* e estavam mais presente em indivíduos coinfectados pelo HIV. *C. gattii* neste estudo foi mais evidente no grupo dos pacientes não coinfectados pelo HIV

juntamente com *C. laurentii*. Os tipos moleculares mais determinados foram VNI e VGII. Esses dados corroboram outros estudos feitos no Sudeste do Brasil.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2018.10.241>

EP-180

VARIANTE GENOTÍPICA INCOMUM DE PARACOCIDIOIDES BRASILIENSIS IDENTIFICADA EM PACIENTE DO SUDESTE BRASILEIRO



Tiago Alexandre Cocio, Erika Nascimento, Marcia Regina Von Zeska Kress, Eduardo Bagagli, Roberto Martinez

Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto (FMRP), Universidade de São Paulo (USP), Ribeirão Preto, SP, Brasil

Ag. Financiadora: Faepa-HCFMRP/USP e Capes
Nº. Processo: -

Data: 19/10/2018 - Sala: TV 5 - Horário: 13:44-13:49 - Forma de Apresentação: E-pôster (pôster eletrônico)

Introdução: A paracoccidiodomicose (PCM) é uma infecção fúngica endêmica de países da América Latina, principalmente no Brasil. Causam a PCM, forma crônica e aguda da doença, os fungos *Paracoccidioides brasiliensis* e *Paracoccidioides lutzii*. *P. brasiliensis* é composto por cinco espécies filogenéticas, S1a e S1b são grupo parafilético distribuído no Brasil, Argentina, Paraguai, Peru e Venezuela; PS2 grupo monofilético distribuído no Brasil e Venezuela; PS3 grupo monofilético encontrado somente na Colômbia e PS4 grupo monofilético encontrado exclusivamente na Venezuela. A espécie filogenética 3 (PS3) pertencente ao complexo *P. brasiliensis* foi caracterizada por Matute et al. (2006) e classificada como monofilética, geograficamente restrita à Colômbia e considerada uma linhagem evolutiva independente das outras espécies filogenéticas. Em 2016 foram identificados como PS3 dois isolados (humano e solo, respectivamente) da Venezuela, sugeriram a expansão geográfica dessa espécie filogenética em países sul-americanos.

Objetivo: Neste estudo o isolado clínico BAT, obtido de paciente com a forma subaguda da PCM, da região de Ribeirão Preto, SP, Brasil, foi submetido a identificação molecular com as técnicas de PCR-RFLP (*Polymerase Chain Reaction - Restriction Fragment Length Polymorphism*) do gene *tub1* e sequenciamento do gene GP43 Exon 2 com a finalidade de conhecer a qual espécie filogenética pertence.

Metodologia: O DNA genômico de BAT e das cepas de referências (Pb18 [S1b]); Pbdog-EPM194 (PS2); T2-EPM54 (PS3); Pb01 (*P. lutzii*) foi submetido a PCR (*Polymerase Chain Reaction*) convencional para confirmar o isolado no gênero *Paracoccidioides*, amplificar o gene *tub1* para aplicar a técnica PCR-RFLP para a identificação filogenética e sequenciar o gene GP43 Exon 2 para confirmação da genotipagem.

Resultado: O isolado clínico BAT pertence ao gênero *Paracoccidioides*, foi identificado como PS3 pela técnica PCR-RFLP e observou-se pelo sequenciamento do gene GP43 Exon 2 uma similaridade de 100% com a cepa de referência T2-EPM54 (PS3) e proximidade genética com Pb18 (S1b).

Discussão/conclusão: A identificação da variante genotípica PS3 no Sudeste brasileiro, onde prevalecem S1a e S1b, é a chave para o entendimento de especiações e disseminação territorial do gênero *Paracoccidioides*. Ainda é desconhecido se novas espécies e genótipos de *Paracoccidioides* implicam diferenças nas manifestações da PCM.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2018.10.242>

Área: MICROBIOLOGIA/IRAS

Sessão: MICOLOGIA

EP-181

AVALIAÇÃO DA PRODUÇÃO DE METALOPROTEINASES DE MATRIZ POR NEUTRÓFILOS E MACRÓFAGOS HUMANOS EM RESPOSTA AO PARACOCIDIOIDES BRASILIENSIS



Marina Pozzi Lanza, Ronei Luciano Mamoni, Luana Carolina Rech, Ana Lúcia Galastri

Faculdade de Medicina de Jundiaí, Jundiaí, SP, Brasil

Ag. Financiadora: Fapesp; Capes/CNPq
Nº. Processo: #2013/24286-0

Data: 19/10/2018 - Sala: TV 5 - Horário: 13:51-13:56 - Forma de Apresentação: E-pôster (pôster eletrônico)

Introdução: A paracoccidiodomicose (PCM) é a micose sistêmica mais prevalente no Brasil. É causada por fungos dimórficos do gênero *Paracoccidioides* (*P. brasiliensis* [Pb] e *P. lutzii*) e acomete principalmente pulmões, tecidos epiteliais e o sistema fagocítico-mononuclear. A doença apresenta duas formas clínicas: na forma aguda ocorre processo granulomatoso frouxo com numerosos fungos; e na forma crônica granulomas epitelioides com poucos fungos, frequentemente evolui para fibrose, com sequelas incapacitantes. Em outras doenças, também caracterizadas por fibrose, sabe-se que enzimas denominadas metaloproteinases de matriz (MMPs) participam da destruição e remodelação tecidual, mas na PCM o conhecimento sobre o papel dessas enzimas ainda é incipiente.

Objetivo: Avaliar a produção e atividade gelatinolítica de MMPs (MMP-1, MMP-2, MMP-3 e MMP-9) por neutrófilos e macrófagos humanos estimulados com células leveduriformes de Pb.

Metodologia: Monócitos e neutrófilos foram purificados por separação imunomagnética a partir de amostras de sangue periférico obtidas de indivíduos saudáveis. Macrófagos foram diferenciados a partir dos monócitos pelo tratamento com GM-CSF por cinco dias. Após purificação (neutrófilos) e diferenciação (macrófagos), as células foram estimuladas com células leveduriformes Pb (cepa Pb18) ou LPS por 24 horas. A produção de MMPs nos sobrenadantes de cultura foi avaliada por Elisa e sua atividade gelatinolítica foi avaliada por zimografia de lisados celulares.

Resultado: Nossos resultados mostraram que para neutrófilos ocorreu aumento da produção das MMP-2, MMP-3 e MMP-9 após estímulo com as leveduras, além de aumento da atividade gelatinolítica de MMP-9. Para macrófagos,