

(pesquisa de colonização) foi de 7% em junho, 5,6% em julho e 0% em agosto. A colonização por enterococo resistente à vancomicina foi de 24,5% em junho, 16,9% julho e 3,7% agosto. Não identificamos MDR nas infecções notificadas em agosto, novembro e dezembro/2021, setembro 8,2%, outubro 7,5%.

**Conclusão:** As ações de prevenção de infecção e o Programa de Antimicrobial Stewardship tiveram importante impacto para a redução dos MDR e do consumo de ATM nas UTIs de internação de pacientes com COVID-19.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2022.102399>

## OR-10

### INVESTIGAÇÃO DE SURTO DE ELIZABETHKINGIA SPP. EM HOSPITAL TERCIÁRIO

Nathalia Velasco, Christian Hofling, Eliane Psaltikidis, Elisa Mendes, Luis Bachur, Luis Cardoso, Renata Fagnani, Tiago Lima, Mariangela Resende

Universidade Estadual de Campinas (Unicamp), Campinas, SP, Brasil

**Introdução:** O gênero *Elizabethkingia*, composto de bactérias gram-negativas, aeróbicas, não fermentadoras e ambientais, contém três espécies relevantes na prática clínica: *E. meningoseptica*, *E. miricola* e *E. anophelis*. Há descrições das espécies como agente de infecção relacionada à assistência à saúde (IRAS) associado à ocorrência de surtos intra-hospitalares, em sua maioria tendo como fonte o sistema de água.

**Objetivo:** O presente trabalho tem o objetivo descrever a investigação e o manejo de surto destas espécies ocorrido em hospital terciário de alta complexidade.

**Método:** Estudo descritivo que relata a investigação de um surto hospitalar de colonização e/ou infecção por *Elizabethkingia miricola* e *Elizabethkingia anophelis*.

**Resultados:** Em abril de 2021 foi notado pela Comissão de Controle de Infecção Hospitalar aumento da incidência de pneumonias associadas à ventilação mecânica e de bacteremia por *E. miricola* e *E. anophelis*. Foi solicitado à Microbiologia os resultados positivos para *Elizabethkingia spp* de janeiro/2020 a abril/2021. Nesta constatou-se que, de janeiro a maio de 2020, não houve detecção da bactéria, porém, de junho de 2020 a julho de 2021, foram recuperados 32 espécimes clínicos de 31 pacientes, sendo 5 de hemocultura e 27 de secreção respiratória. Em 22 isolados foi detectada *Elizabethkingia miricola* e em 10 *Elizabethkingia anophelis*. O estudo dos casos demonstrou que eram pacientes críticos, em ventilação mecânica invasiva (96,77%), com diagnóstico de PAV (51,6%) e alta letalidade (64,1%). Dentre os motivos de internação estão COVID-19, transplante hepático, e trauma. Na investigação foi aventada a possibilidade de colonização/infecção ocorrer pelo sistema de limpeza e manejo do circuito de ventilação. Amostras de materiais utilizados no procedimento e nos cuidados dos pacientes tiveram culturas negativas, porém houve crescimento de *E. miricola* e *E. anophelis* nas amostras de água e de esfregaço de torneira dos setores nos quais os pacientes

estavam internados. Foram então implementadas medidas de controle, que envolviam, dentre outras, não utilizar água de torneira para nenhum procedimento que envolvesse trato respiratório, em paciente intubado ou traqueostomizado. Com a implementação das medidas não houve, de agosto a novembro de 2021, novos casos de materiais clínicos positivos para *Elizabethkingia spp*.

**Conclusão:** O aparecimento frequente de *E. miricola* e *E. anophelis*, assim como também de *E. meningoseptica*, deve suscitar a hipótese de surto intra-hospitalar e a busca por fonte comum.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2022.102400>

## ÁREA: MICROBIOLOGIA

## OR-11

### DISSEMINAÇÃO AMBIENTAL DE RESISTÊNCIA A ANTIBIÓTICOS ATRAVÉS DOS AGLOMERADOS SUBNORMAIS

Nazareno Scaccia, Joyce da Silva Fonseca, Lucas A. Moyses Franco, Gabrielly Lacerda Aragão, Maria Tereza Pepe Razzolini, Anna Sara Levin, Ester Cedeira Sabino, Silvia Figueiredo Costa

Instituto de Medicina Tropical, Faculdade de Medicina, Universidade de São Paulo (FMUSP), São Paulo, SP, Brasil

**Introdução:** A resistência aos antibióticos é considerada uma ameaça global à saúde humana e, sua disseminação ambiental é bem reconhecida. Os aglomerados subnormais, comumente conhecidos como “favelas”, podem ser reservatórios de bactérias resistentes a antibióticos (ARB) e genes de resistência (ARGs).

**Objetivo:** Este estudo visa i) explorar a ocorrência de ARB, ARGs e resíduos de antibióticos e, ii) caracterizar a estrutura da comunidade bacteriana do riacho que recebe a descarga de esgoto não tratado de uma favela no Brasil.

**Método:** As amostras de água da “Comunidade de São Remo” (São Paulo) que foram coletadas (n = 7) durante o verão (2021) foram analisadas por métodos de cultura e moleculares. Os isolados bacterianos foram identificados, rastreados quanto à presença de ARGs (*blaKPC*, *blaNDM*, *blaSPM*, *blaIMP*, *blaVIM*, *blaOXA-23* and *blaOXA-48*) e testados quanto à suscetibilidade a antibióticos  $\beta$ -lactâmicos, cefalosporinas de terceira geração e carbapenêmicos. Além disso, o DNA total da comunidade bacteriana (TC-DNA) das amostras de águas foram extraídos, pesquisados quanto à presença de ARGs e, encaminhadas para análise de microbioma.

**Resultados:** De um total de 67 isolados, um grupo de 33 cepas foram positivas para a presença dos genes *blaKPC* (18,8%) e *blaVIM* (24,6%) e, foram identificados como pertencentes aos gêneros *Aeromonas*, *Chryseobacterium*, *Elizabethkingia*, *Comamonas*, *Citrobacter*, *Escherichia*, *Pseudomonas*, *Enterobacter*, *Klebsiella*, *Kluyvera* e *Serratia*. As espécies bacterianas destes gêneros mostraram resistência à cefotaxima