

(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 β -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

(CTX,73%), amoxicilina (AML, 70%), aztreonam (ATM, 54,5%) e ertapenem (ERT, 51,5%). As amostras de TC-DNA evidenciaram a presença dos ARGs blaKPC e blaVIM enquanto, o gene blaNDM foi observado só em 4 amostras. Os filos Firmicutes (25-33%), Bacteroidota (25-32%), Proteobacteria (22-31%) e Campylobacterota (4-10%) foram os mais predominantes das comunidades bacterianas das amostras de água. Para uma melhor caracterização dos ABR obtidos, estão em andamento testes de produção de carbapenemase e análise de sequenciamento do genoma completo. Além disso, a detecção de resíduos de antibióticos nessas amostras de água também está sendo analisada.

Conclusão: Até o momento, a principal conclusão desta pesquisa é que o esgoto não tratado dos assentamentos irregulares pode impactar a propagação de resistência microbiana. Medidas de intervenção nessas localidades são urgentemente necessárias para limitar a exposição humana à ARB e ARGs.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2022.102401>

OR-12

ATIVIDADE DE MEROPENEM-VABORBACTEM EM INFECÇÕES POR ENTEROBACTERIALES NO BRASIL - RESULTADOS DO ANTIMICROBIAL TESTING LEADERSHIP AND SURVEILLANCE (ATLAS)

Priscila Pereira Dantas,
Eduardo Servolo Medeiros,
Ana Paula Timm Lobo, Talita Carniatto,
Valeria Alexandra Silva,
Paulo Fernando Tierno, Elisa Maria Beirão

Hospital Municipal de Barueri Dr. Francisco Moran,
Barueri, SP, Brasil

Introdução: Meropenem vaborbactam (MEM-VAB) é uma nova combinação de carbapenêmico e inibidor de beta-lactamase ativo contra Gram-negativos produtores de ESBL, KPC e Amp-C. A resistência bacteriana representa um importante desafio na prática clínica atualmente, sendo necessária a incorporação de novas opções terapêuticas ao formulário terapêutico.

Objetivos: Avaliar a atividade de MEM-VAB e comparadores contra Enterobacterales isolados em infecções no Brasil.

Métodos: 483 amostras clínicas foram coletadas consecutivamente de cinco centros brasileiros em 2020. Os quatro isolados mais frequentes de Enterobacterales foram identificados e encaminhados para laboratório central e testados para MEM-VAB e comparadores, por microdiluição em caldo de acordo com EUCAST.

Resultados: *K. pneumoniae* foi a cepa mais frequente (n=222), apresentou sensibilidade superior a 90% a MEM-VAB (92,8%), ceftazidima-avibactam (CAZ-AVI) (90,5%). 76,6% das *K. pneumoniae* foram sensíveis a amicacina (AMK) e 81,0% a colistina (CS). *E. coli* (n = 143) e *Enterobacter spp.* (n = 78) apresentaram altas taxas de sensibilidade a vários antibióticos AMK (94,5%, 98,67%), CAZ-AVI (98,6%, 97,4%), CS (99,3%, 92,3%), imipenem (IPM) (97,9% e 93,5%) e MEM-VAB (99,3%

e 98,7%), com exceção do ceftolozana-tabobactam (TOL-TAZ) (96,5% e 69,2%). CAZ-AVI e MEM-VAB apresentaram o melhor perfil de sensibilidade contra *Serratia spp.* (n = 40), ambos com 97,5%, AMK 80,0% e IPM 85,0%. Considerando as cepas resistentes às cefalosporinas em *Enterobacter spp.* (n = 25) AMK (96,0%), CAZ-AVI (92,0%), MER-VAB (96,0%) e CS (100%) apresentaram o melhor perfil de sensibilidade; quando avaliadas as *K. pneumoniae* (n = 155) CAZ-AVI (86,4%) e MER-VAB (89,7%) demonstraram a melhor atividade, AMK e CS com redução de atividade, 69,4% e 75,5%. Esse perfil se mantém quando observadas as cepas de *K. pneumoniae* resistentes a carbapenêmicos: CAZ-AVI 85,9%, MEM-VAR 83,7%, AMK 55,4% e CS 62,0%. A boa sensibilidade a CAZ-AVI e MEM-VAR também é observado quando avaliadas as cepas de *K. pneumoniae* resistentes a colistina, com igual taxa de 97,1%, enquanto a sensibilidade a AMK diminuiu consideravelmente 31,4%.

Conclusão: MER-VAR é uma nova opção no tratamento de infecções por bactérias resistentes e, juntamente com CAZ-AVI apresenta perfil de sensibilidade favorável quando avaliadas bactérias isoladas de infecções no Brasil.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2022.102402>

OR-13

COMPARAÇÃO FENOTÍPICA E GENOTÍPICA DE STAPHYLOCOCCUS SPP. RECUPERADOS DE INFECÇÕES ASSOCIADAS A IMPLANTES ORTOPÉDICOS COM FALHA DE TRATAMENTO

Ingrid Nayara Marcelino Santos,
Mariana Neri Lucas Kurihara,
Fernanda Fernandes dos Santos,
Tiago Barcelos Valiatti,
Juliana Thalita Paulino da Silva,
Antônio Carlos Campos Pignatari,
Mauro José Costa Salles

Universidade Federal de São Paulo (UNIFESP), São Paulo, SP, Brasil

Introdução: *S. aureus* e *S. epidermidis* continuam sendo os principais agentes formadores de biofilme que causam infecções associadas a implantes ortopédicos (OIAI), entretanto outros *Staphylococcus coagulase-negativos* (CoNS) com importância clínica estão emergindo. Além disso, poucos estudos avaliaram características genômicas específicas associadas à evolução do paciente.

Objetivo: Descrever as características fenotípicas e genotípicas identificadas em isolados clínicos de *S. aureus* e isolados de CoNS recuperados de pacientes com OIAIs que evoluíram para falha do tratamento.

Método: Dez isolados foram identificados por espectrometria de massa de desorção assistida por laser de matriz-tempo de voo (MALDI-TOF-MS) e testados para suscetibilidade a antibióticos e formação de biofilme. Características genotípicas, incluindo MLST (Multi Locus Sequence Typing), tipagem SCCmec, genes de virulência e resistência foram avaliadas por sequenciamento de genoma completo (WGS) que