

(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

foi realizado em uma plataforma Illumina HiSeq 2500. As análises de bioinformática foram realizadas usando CGE, PATRIC, VFDB, CARD RGI, e PubMLST.

Resultados: Os isolados de *S. aureus* (215, 260 e 371) pertenciam a CC5 (ST5 e ST105, spa tipo t002) e carregavam SCCmec tipo I (1B), II (2A) e V(5C2), respectivamente. Estes isolados eram resistentes à metilina (MRSA), e abrigavam *mecA*, *blaZ*. Diversos genes de resistência à aminoglicosídeos, incluindo *aph* (3') - III, *ant* (9) -Ia, e *ant* (4) -Ib foram detectados. Todos os MRSA eram fortes produtores de biofilme, abrindo o operon *ica* ADBC e *ica* R. Sete isolados CoNS compreendendo cinco espécies (*S. epidermidis*, *S. haemolyticus*, *S. sciuri*, *S. capitis* e *S. lugdunensis*) foram analisados, com detecção do gene *mecA* em cinco isolados. *S. haemolyticus* (95) e *S. lugdunensis* foram incapazes de formar biofilme e não abrigaram o operon *ica*ADBCR completo. Os isolados de *S. epidermidis* (216, 403) e *S. haemolyticus* (53,95) pertenciam aos grupos ST2/CC2, ST183, ST9 e ST3, respectivamente. Alta variabilidade de genes de adesão foi detectada, com *atl*, *ebp*, *ica* ADBC operon e IS 256 sendo o mais comum.

Conclusão: Este estudo fornece informações sobre a análise fenotípica e genômica de estafilococos, permitindo elucidar características específicas de MRSA e CoNS que estão associadas à falha do tratamento em OIAIs, incluindo genes associados à produção de biofilme e resistência a β -lactâmicos e aminoglicosídeos.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2022.102403>

OR-14

DESENVOLVIMENTO DE APTÂMEROS CONTRA KLEBSIELLA PNEUMONIAE

Taniela Marli Bes, Marina Farrel Côrtes,
Carlos Santos, Beatriz Barbosa dos Anjos,
Ester Gerdeira Sabino, Silvia Figueiredo Costa

Universidade de São Paulo (USP), São Paulo, SP,
Brasil

Introdução: Bactérias gram-negativas são importantes agentes de Infecções Relacionadas a Assistência à Saúde (IRAS), sendo a *Klebsiella pneumoniae* responsável por 16,9% das infecções de corrente sanguínea no Brasil. É um agente oportunista que ao longo dos anos vem adquirindo inúmeros mecanismos de resistência, sendo a resistência a carbapenêmicos o mais preocupante já descrito para enterobactérias, muitas vezes sem opções terapêuticas. Novas tecnologias precisam ser desenvolvidas para identificação rápida e tratamento destes agentes. Ferramentas diagnósticas e terapêuticas baseadas em aptâmeros tem se mostrado promissoras nos últimos anos, porém ainda limitadas em relação às bactérias Gram-negativas. Aptâmeros são oligonucleotídeos de fita simples, de alta afinidade e especificidade para qualquer molécula orgânica. Podem ser obtidos *in vitro* pela técnica SELEX.

Objetivo: O objetivo deste estudo foi desenvolver aptâmeros específicos para cepas de *K. pneumoniae* com finalidade diagnóstica e terapêutica.

Método: A técnica de seleção de aptâmeros foi adaptada e padronizada utilizando a célula bacteriana inteira (cell-SELEX). As alterações foram embasadas em múltiplos protocolos previamente publicados, sobre os quais fizemos pequenas modificações. Cinco cepas de *K. pneumoniae* multi-resistente proveniente do banco de cepas do laboratório de bacteriologia LIM49, foram utilizadas como alvo. O seguimento de especificidade e afinidade entre os ciclos de seleção foi realizado através de citometria de fluxo e PCR em tempo real. Para identificação da sequência de cada aptâmero foi realizada clonagem e as colônias de *E. coli* DH5 α contendo pGEM carreando o aptâmero foram confirmadas por PCR. Para identificação das sequências dos aptâmeros para *K. pneumoniae* foi realizado sequenciamento pela tecnologia Sanger.

Resultados: Neste estudo selecionamos aptâmeros estruturalmente distintos para *Klebsiella pneumoniae*.

Conclusão: Utilizando citometria de fluxo seriada entre os ciclos de seleção (SELEX) confirmou-se a ligação entre os aptâmeros e a célula inteira de *K. pneumoniae* mantido até o sexto SELEX. Melhorar o arranjo de seleção atual (SELEX) e desenvolver novas moléculas continua sendo a principal barreira para estudos relacionados a aptâmeros. Mesmo não havendo relatos na literatura de aptâmeros específicos para *K. pneumoniae*, estes achados melhoram as expectativas no desafio contra a resistência antimicrobiana.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2022.102404>

OR-15

CARACTERIZAÇÃO DA RESISTÊNCIA AOS CARBAPENÊMICOS E À POLIMIXINA B EM ISOLADOS DE KLEBSIELLA PNEUMONIAE ATRAVÉS DE TÉCNICAS MOLECULARES

Rafael Vecchi, Carlos Henrique Camargo,
James Venturini

Universidade Estadual Paulista (UNESP), Botucatu,
SP, Brasil

Introdução: *Klebsiella pneumoniae* extensivamente droga-resistente está associada à infecções graves de diversos sítios com altas taxas de morbidade e mortalidade; a determinação dos mecanismos pelos quais essa bactéria desenvolve a resistência, bem como sua compreensão epidemiológica, são de extrema importância no manejo terapêutico e em ações de controle para essas infecções.

Objetivo: Realizar a caracterização molecular de 90 isolados de *K. pneumoniae* resistentes aos carbapenêmicos e à polimixina B obtidos de amostras clínicas de pacientes tratados em um hospital terciário localizado na cidade de Bauru/São Paulo.

Método: Os isolados são provenientes de um banco biológico de amostras armazenadas no setor de Microbiologia do referido hospital. As identificações fenotípicas e testes de sensibilidade foram realizados pelo método automatizado Vitek Compact 2[®]; em seguida, os isolados foram submetidos à técnica de PCR Multiplex visando identificar a presença dos genes plasmidiais que conferem resistência aos