

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 meticilina (MRSA), e abrigavam *meaC*, *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 *meaC* 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