

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 OIAs, 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

carbapenêmicos blaKPC, blaNDM, e blaOXA-48, e à polimixina B, mcr-1 à mcr-5, bem como à técnica de PFGE para determinação de sua clonalidade.

Resultados: Das 90 amostras, 83 expressaram o gene blaKPC; entretanto, não foram encontrados os genes blaNDM, blaOXA-48 e mcr-1 à mcr-5. Além disso, foram identificados 5 clusters distintos e, dentro destes, várias subdivisões. A identificação fenotípica de resistência aos carbapenêmicos foi confirmada pelos ensaios de biologia molecular que identificaram o envolvimento do gene blaKPC; esse gene é responsável por expressar uma enzima hidrolítica que confere resistência a todos os antimicrobianos β -lactâmicos. Apenas sete amostras não demonstraram a presença de genes relacionados à carbapenemases, sugerindo que sua resistência aos carbapenêmicos seja devida a alterações na permeabilidade da membrana celular associadas à hiperprodução de β -lactamases do tipo AmpC ou ESBL. Interessantemente, não foram encontradas amostras com a presença dos genes plasmidiais mcr-1 à mcr-5, sugerindo que a resistência às polimixinas ocorra por mecanismos cromossomais, devido a mutações ou adaptação a estímulos ambientais adversos.

Conclusão: Esses resultados são relevantes por contribuir na compreensão do perfil epidemiológico da instituição, bem como demonstrar a presença e disseminação de plasmídios de resistência à drogas de amplo espectro, e devem conduzir à medidas eficazes de controle de sua disseminação.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2022.102405>

ÁREA: COVID-19

OR-16

ANÁLISE DA DISPERSÃO TEMPORAL E EPIDEMIOLÓGICA DAS VARIANTES DO SARS-COV-2 NO PERÍODO DE PRÉ-VACINAÇÃO EM MASSA NA CIDADE DE BOTUCATU-SP

Felipe A.S. Costa, Rejane M.T. Grotto, Carlos M.C.B. Fortaleza, Karen Ingrid Tasca, Drielle B.S. Figueiredo, Leonardo Nazario Moraes, Cláudia P.R. Vidotto, Maria M.A. Araújo, Patrícia Akemi Assato, Jayme Augusto Souza-Neto

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

Introdução: Após a circulação das Variantes de Preocupação (VOC) do SARS-CoV-2, Alpha, Beta, Gamma, Delta e, a atualmente predominante, Ômicron, a ampla cobertura vacinal refletiu na drástica redução nos números de óbitos por COVID-19. Em maio de 2021, o município de Botucatu-SP foi palco de uma pesquisa que avaliou a efetividade da Vacina COVID-19 Recombinante/Fiocruz® contra variantes do SARS-CoV-2, possibilitando imunização de mais de 60 mil pessoas em um único dia.

Objetivo: Avaliar a dispersão temporal e epidemiológica das variantes do SARS-CoV-2 antes da vacinação massiva que

ocorreu em Botucatu, além de relacioná-las às características clínicas da doença.

Método: Foram selecionadas 400 amostras SARS-CoV-2 positivas, referentes as 4 Semanas Epidemiológicas (SE 16, 17, 18 e 19 de 2021 – sendo 100 amostras por SE) que antecederam a campanha da vacinação em massa. O Sequenciamento de Nova Geração foi utilizado para produzir as sequências e determinar as variantes. Informações clínicas foram extraídas dos relatórios de notificação de casos suspeitos de COVID-19 (E-Sus) e de internação por Síndrome Respiratória Aguda Grave (Sivep-Gripe).

Resultados: Entre todas as amostras positivas incluídas, 86,8% eram de pessoas não vacinadas. Foram geradas e analisadas 371 sequências de alta qualidade. Dessas sequências, 98,65% foram da VOC Gamma e 1,35% da VOC Alpha. Dentro do clado de Gamma, a variante P.1 foi mais frequente (55%) seguida pela sua sublinhagem P.1.14 (42,3%). Quanto a distribuição das VOCs entre diferentes faixas etárias e sexo, a P.1 foi mais incidente do que a P.1.14 nas de 21-30 anos ($p < 0,001$) e 51-60 ($p = 0,047$), e em mulheres ($p = 0,002$). A incidência desta VOC também foi maior para casos leves da doença ($p < 0,001$). A sublinhagem P.1.14 foi mais incidente do que P.1 apenas em pessoas com idade entre 81-90 anos ($p = 0,034$). As amostras com menores valores de CT foram mais associadas aos pacientes sintomáticos ($p = 0,005$). Não houve correlação entre as variantes e a presença de comorbidades nos infectados, tampouco entre elas e os desfechos clínicos internação ou óbito.

Conclusão: A alta predominância de P.1 e P.1.14 em um cenário pré-vacinação em massa pode nos fornecer insights sobre a evolução e epidemiologia molecular do SARS-CoV-2 e suas VOCs emergentes. Dessa forma ressaltamos a importância da vigilância genômica do SARS-CoV-2, que pode ajudar a subsidiar as tomadas de decisões dos setores públicos e manejo da COVID-19.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2022.102406>

OR-17

SALIVA VERSUS SECREÇÃO ORO-NASOFARÍNGEA PARA A DETECÇÃO MOLECULAR DE SARS-COV-2 E SUA CORRELAÇÃO COM O STATUS CLÍNICO E VACINAL

Fabiana Barcelos Furtado, Karen Ingrid Tasca, Cristiane Nonato Silva, Amanda Thais Godoy, Emily T.T. Silva, Leonardo Nazario Moraes, Michelle Venancio Hong, Rafael Plana Simões, Carlos M.C.B. Fortaleza, Rejane M.T. Grotto

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

Introdução: Apesar do padrão-ouro no diagnóstico do SARS-CoV-2 por RT-qPCR ainda ser atribuído à análise de secreções naso-orofaríngea coletadas com swab de rayon, a utilização da saliva pode trazer inúmeros benefícios para a testagem, facilitando a coleta e minimizando custos. Estudos