

EP-107

AVALIAÇÃO DE MULTIRRESISTÊNCIA E PREVALÊNCIA DE MRSA, OS-MRSA E TIPOS DE SCCMEC EM STAPHYLOCOCCUS AUREUS ISOLADOS DE HEMOCULTURAS

Guilherme de Lima Brenno,
Maria de Lourdes Ribeiro de Souza da Cunha,
Nathalia Bibiana Teixeira

Instituto de Biociências (IBB), Universidade Estadual Paulista (UNESP), Botucatu, SP, Brasil

Introdução: *Staphylococcus aureus* é um patógeno comumente relacionado às infecções hospitalares e comunitárias. Entre as cepas de *S. aureus*, aqueles que apresentam o gene *mecA* são resistentes à meticilina (Methicillin resistant *Staphylococcus aureus* - MRSA) e estão frequentemente associados aos processos infecciosos, assim como *S. aureus* resistente à meticilina, porém sensíveis in vitro à oxacilina (Oxacilin sensible – Methicilin Resistant *Staphylococcus aureus* – OS-MRSA). O gene *mecA* se encontra inserido no cassete cromossômico móvel SCCmec (*Staphylococcal Cassette Chromosome mec*).

Objetivo: Determinar a prevalência de MRSA e OS-MRSA, classificar o tipo de SCCmec e verificar a multirresistência em *S. aureus* isolados de hemoculturas no período de 2014 a 2018.

Método: Foram obtidas 95 amostras de *S. aureus*, isoladas em Ágar Sangue e identificadas por testes fenotípicos e genotípicos para confirmação da espécie. Posteriormente foram submetidas ao teste de sensibilidade às drogas pelo método de disco difusão em Ágar Mueller-Hinton com os discos de oxacilina - OXA (1 µg), cefoxitina - CFO (30 µg), gentamicina – GEN (10 µg), eritromicina – ERI (15 µg), ciprofloxacina – CIP (5 µg), sulfametoxazol/trimetoprim – SUT (25 µg), linezolida – LIN (30 µg), quinupristina/dalfopristina – QD (15 µg) e ceftarolina – CPT (30 µg). A detecção do gene *mecA* foi realizada através da técnica de Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) e a tipagem de SCCmec foi realizada através da técnica de PCR multiplex.

Resultados: Das 95 amostras analisadas, 37 (38,9%) se apresentaram como MRSA. Entre elas, quanto à tipagem de SCCmec, 23 (62,2%) isolados apresentaram o SCCmec tipo II, 13 (35,1%) isolados apresentaram o SCCmec tipo IV e um (2,7%) isolado apresentou o SCCmec tipo III. Quanto ao teste de disco difusão, 25 (26,3%) isolados MRSA se apresentaram multirresistentes, enquanto apenas três (3,1%) isolados MSSA apresentaram a mesma característica. Em relação à presença de OS-MRSA, oito (21,6%) isolados apresentaram essa característica.

Conclusão: Estes achados acionam um alerta na comunidade médica, pois a presença de cepas MRSA multirresistentes, OS-MRSA e CA-MRSA no ambiente hospitalar pode levar a uma maior distribuição dessas cepas, e com isso, dificultar o tratamento de pacientes infectados com esses microrganismos.

Ag. Financiadora: FAPESP.

Nr. Processo: 2020/04599-8.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2022.102539>

EP-108

DETERMINAÇÃO MOLECULAR DE MECANISMOS DE RESISTÊNCIA À POLIMIXINA B EM ISOLADOS DE KLEBSIELLA PNEUMONIAE ATRAVÉS DO SEQUENCIAMENTO DO GENOMA COMPLETO

Rafael Vecchi, Carlos Henrique Camargo,
James Venturini

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

Introdução: *Klebsiella pneumoniae* resistente à polimixina B é um problema de saúde pública mundial, uma vez que este antimicrobiano é utilizado como droga de último recurso para o tratamento de infecções hospitalares de diversos sítios causadas por microrganismos extensivamente droga-resistentes. Desta forma, a compreensão dos mecanismos pelos quais este microrganismo desenvolve a resistência é relevante para a implantação de estratégias que evitem sua disseminação.

Objetivo: Realizar a caracterização molecular dos mecanismos pelos quais 7 isolados de *K. pneumoniae* obtidos de amostras clínicas de pacientes tratados em um hospital terciário localizado na cidade de Bauru/São Paulo apresentam resistência à polimixina B.

Método: Os isolados são provenientes de um banco biológico de amostras previamente caracterizadas por ensaios fenotípicos e moleculares, armazenadas no setor de Microbiologia do referido hospital. A detecção de plasmídeos de resistência e/ou de mutações associadas a resistência à polimixina B foi realizada através de técnica de sequenciamento do genoma completo utilizando o sequenciador Illumina.

Resultados: Dentre os 7 isolados sequenciados, apenas um mostrou a presença de mutação no gene *pmrB* associada à resistência à polimixina B, e outro mostrou a presença de mutação no gene *phoQ* potencialmente associado a resistência. Não foram encontrados genes plasmidiais associados a resistência a esta droga. A identificação de mutações associadas a resistência à polimixina B em poucos dos isolados sequenciados, bem como a ausência de genes plasmidiais associados a resistência a esta droga, como o *mcr*, nos remetem a existência de outros eficientes mecanismos regulatórios associados a expressão gênica que conduzem a resistência à polimixina B, como a expressão de bombas de efluxo, a produção de cápsula e formação de biofilme, bem como a adaptação a estímulos ambientais adversos.

Conclusão: Esses resultados são relevantes por contribuir na compreensão do perfil epidemiológico da instituição, o que nos permite instituir medidas eficazes de controle de sua disseminação.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2022.102540>