

respectivamente. Um total de 93% (n = 65/70), 54% (n = 38/70) e 53% (n = 37/70) dos isolados carregavam enzimas modificadoras de aminoglicosídeos (AMEs), os genes de β -lactamases blaKPC-2 e blaTEM, respectivamente; a presença de diferentes tipos de plasmídeos foram identificadas. A análise da árvore filogenética mostrou dois principais grupos (A e B). O ST11 é o mais frequentemente encontrado entre os isolados no Brasil, embora outros STs também tenham sido observados. Além disso, identificamos dois isolados (ambiente e clínico) que compartilharam apenas 60 SNP, o que sugere que o mesmo clone pode estar circulando no ambiente.

Conclusão: A resistência fenotípica e genotípica aos aminoglicosídeos foi amplamente observada, mostrando uma distribuição heterogênea dos perfis de STs nos dois grupos e uma relação próxima entre as cepas de *K. pneumoniae* de origem humana, animal e ambiental. A presença dos plasmídeos sugere a possibilidade de transferência dos genes de resistência, destacando a importância da disseminação horizontal desses genes entre as diferentes origens.

Palavras-chave: *Klebsiella pneumoniae* Aminoglicosídeos One health Resistência antimicrobiana Genoma

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.102832>

CARACTERIZAÇÃO GENÔMICA DE ISOLADOS CLÍNICOS DE *KLEBSIELLA PNEUMONIAE* COM RESISTÊNCIA A CEFTAZIDIMA-AVIBACTAM PROVENIENTES DE DIFERENTES HOSPITAIS

Carlos Henrique Camargo^{a,*}, Amanda Yaeko Yamada^a,
Andreia Rodrigues de Souza^a,
Pedro Smith Pereira Ferraro^a,
Marcos Paulo Vieira Cunha^b, Daniel de Sena Miranda^a,
Maristela Pinheiro Freire^c,
Monique Ribeiro Tiba-Casas^a

^a Instituto Adolfo Lutz, São Paulo, SP, Brasil;

^b Universidade de São Paulo (USP), São Paulo, SP, Brasil;

^c Faculdade de Medicina da Universidade de São Paulo (FMUSP), São Paulo, SP, Brasil

Introdução/Objetivo: A bactéria *Klebsiella pneumoniae* resistente a carbapenêmicos é considerada um patógeno prioritário de acordo com a OMS e o CDC. No Brasil, há predomínio de *K. pneumoniae* produtora de KPC, considerada endêmica em diversos hospitais. Além da resistência a carbapenêmicos, geralmente os isolados de *Klebsiella* KPC+ apresentam resistência a outros fármacos, o que suscita a investigação de novos antimicrobianos/combinções com potencial efeito terapêutico. Um dos fármacos mais recentes introduzidos no mercado é ceftazidima-avibactam (CZA), que apresenta atividade contra KPC mas não contra metalo-carbapenemases. A resistência a CZA ainda é pouco reportada, mas deve ser monitorada a fim de preservar sua atividade. Neste estudo, objetivamos realizar a caracterização fenotípica e genômica de três isolados de *K. pneumoniae* com resistência a CZA enviadas a nosso laboratório de referência.

Métodos: Os isolados foram identificados por MALDI-TOF MS e submetidos a teste de sensibilidade por disco difusão e/ou microdiluição em caldo (para polimixina B, colistina e ceftazidima-avibactam). O DNA total bacteriano foi extraído por

kit comercial e sequenciado nas plataformas Illumina e Oxford Nanopore (para caracterização completa dos plasmídeos). As análises foram realizadas por ferramentas de bioinformática.

Resultados: De 97 isolados investigados, três (3%) apresentaram resistência a CZA (MIC > 32 mg/L), sendo dois sensíveis à polimixina e colistina (MIC = 0,125), e foi resistente (MIC = 32 mg/L). A resistência a imipenem e meropenem foi observada apenas em um destes isolados; os outros dois tiveram a sensibilidade aos carbapenêmicos preservada. A análise molecular acusou a identificação dos alelos KPC-33 (n = 2) e KPC-44 (n = 1), em isolados pertencentes aos sequence types ST11, ST258 e ST6326. Os genes blaKPC-33 e blaKPC-44 foram encontrados em diferentes plasmídeos, na seguinte configuração: KPC-33/IncFIK-IncFIB(pKpQil)/ST6326; KPC-33/IncN/ST11; KPC-44/IncX3-IncU/ST258.

Conclusão: A resistência a CZA observada nestes três isolados é atribuída à presença de variantes do gene blaKPC-2. Por estarem localizados em diferentes plasmídeos em diferentes clones bacterianos provenientes de diferentes hospitais, a possibilidade de disseminação clonal pode ser descartada, sugerindo atuação da pressão de seleção como maior contribuinte para emergência da resistência a CZA.

Palavras-chave: avibactam resistência plasmídeos Illumina Minion

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.102833>

CURVA ABC COMO FERRAMENTA PARA PRIORIZAR ESTRATÉGIAS DE GERENCIAMENTO DE ANTIMICROBIANOS

Marinei Campos Ricieri*,
Beatriz Nayra Dias de Andrade, Kharol Neves,
Laura de Almeida Lanzoni, Bianca Sestren,
Harli Pasquini Netto, Fábio de Araújo Motta

Hospital Pequeno Príncipe, Curitiba, PR, Brasil

Introdução/Objetivo: No Brasil, de acordo com a Anvisa, mais da metade dos hospitais não tem implementado Programas de Gerenciamento de Antimicrobianos (PGA). Uma das dificuldades é o insuficiente número de profissionais para isso. Com a limitação de recursos, estratégias são essenciais para gerenciar os principais antimicrobianos (ATM), em termos de consumo e custos. Uma ferramenta de gestão que auxilia nessa escolha é a Curva ABC, que classifica os itens de acordo com a quantidade consumida e o impacto financeiro. O objetivo desse trabalho foi analisar a Curva ABC de um hospital de alta complexidade e com PGA implantado para direcionar estratégias para o gerenciamento de ATM, que impactem principalmente em redução de custos.

Métodos: Estudo retrospectivo e quantitativo de levantamento de dados das Curvas ABC de um hospital pediátrico do Sul do Brasil. O período de análise foi de 2019 a 2022. O relatório da Curva ABC foi obtido pelo sistema de gestão hospitalar e reflete o consumo (nº frascos) e despesas (preço de custo) com medicamentos. Foram calculados a representatividade média anual (%) do ATM em relação ao total de medicamentos padronizados e os ATM foram divididos em categorias (antibiótico, antifúngico e antivirais).