

EPIDEMIOLOGIA MOLECULAR DE
STAPHYLOCOCCUS AUREUS RESISTENTE À
METICILINA CAUSANDO INFECÇÕES
CUTÂNEAS E MUSCULOESQUELÉTICAS DE
INÍCIO COMUNITÁRIO: UM CENÁRIO
ALARMANTE DE RESISTÊNCIA
ANTIMICROBIANA

Stefânia Bazanelli Prebianchi*,
Ingrid Nayara Marcelino Santos,
Mauro José Costa Salles, Isabelle Caroline Frois Brasil,
Lais Sales Seriacopi, Carolina Coelho Cunha,
Thomas Stravinskias Durigon,
Mariana Felix Cerqueira Balera

Universidade Federal de São Paulo (UNIFESP), São Paulo,
SP, Brasil

Objetivo: O *Staphylococcus aureus* resistente à meticilina associado à comunidade (CA-MRSA) é comumente associado a casos graves de infecções cutâneas e musculoesqueléticas de início comunitário (Co-SMSI). A análise epidemiológica molecular de CA-MRSA recuperados de amostras de pele e partes moles é escassa na América Latina, especialmente no Brasil. Este estudo teve como objetivo identificar características fenotípicas e genotípicas de isolados de MRSA recuperados de pacientes com Co-SMSI.

Métodos: Estudo de coorte prospectiva de pacientes com Co-SMSI internados de março de 2022 a junho de 2023 em um hospital universitário brasileiro, com seguimento em até 2 meses após a alta. Os isolados MRSA foram identificados por método automatizado e MALDI-TOF-MS, e submetidos a análise genotípica por PCR do gene *mecA* e gene *lukF* e PCR multiplex para a tipagem de Scmec, testados para resistência antimicrobiana através de difusão em disco, microdiluição em caldo e tiras E-test para avaliação da concentração inibitória mínima (CIM), de acordo com as recomendações do Comitê Brasileiro de Testes de Suscetibilidade Antimicrobiana (BrCAST).

Resultados: No total 74 pacientes foram avaliados, em 56 (75,7%) destes, o *Staphylococcus aureus* foi identificado em amostras de tecidos ou sangue. A biópsia de pele identificou *S. aureus* em 53,6%. A análise fenotípica caracterizou 28 (50%) isolados em MRSA, sendo o gene *mecA* identificado em 19 (33,9%) destes isolados. Scmec tipo II e do tipo IVa foi identificado em 5 isolados e 2 isolados, respectivamente. Scmec foi não tipável em 12 isolados. O gene *LukF* foi identificado em 6 isolados. Sensibilidade a sulfametoxazol/trimetoprima foi 94,7%. Todos os isolados foram sensibilidade à linezolida e a vancomicina, sendo 63,2% com MIC = 1 e 36,8% com MIC = 2. A sensibilidade às quinolonas foi preocupantemente baixa, com resistência a ciprofloxacino em 52,6%, enquanto 47,4% apresentaram sensibilidade se exposição aumentada. Levofloxacina 57,9% foram resistentes e 42,1% sensíveis se exposição aumentada. A resistência à gentamicina e tetraciclina foi de 15,8% e 21,1%, respectivamente, e apenas um isolado foi resistente à rifampicina. A taxa de mortalidade 10,5%.

Conclusões: Nossos resultados evidenciaram que isolados de MRSA causadores de Co-SMSI demonstram um padrão alarmante de resistência, incluindo antibióticos β -lactâmicos

e quinolonas, que normalmente são prescritos como terapia empírica nas infecções cutâneas/musculesqueléticas.

Palavras-chave: *Staphylococcus aureus* MRSA infecção de pele e partes moles *mecA* PVL

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103161>

ERRADICAÇÃO DE HELICOBACTER PYLORI NO
TRATAMENTO DO LINFOMA DO TECIDO
LINFOIDE ASSOCIADO À MUCOSA GÁSTRICA
EM ESTÁGIO INICIAL: UMA META-ANÁLISE
ATUALIZADA

Fabian Fellipe Bueno Lemos*, Marcel Silva Luz,
Caroline Tianeze de Castro, Mariana Santos Calmon,
Fabrício Freire de Melo

Universidade Federal da Bahia (UFBA), Salvador, BA, Brasil

Introdução/Objetivo: O linfoma do tecido linfóide associado à mucosa (MALT) gástrica (LMG) é uma neoplasia de células B de baixo grau fortemente associada à gastrite crônica induzida por *Helicobacter pylori*. As diretrizes clínicas recomendam a erradicação de *H. pylori* como o tratamento primário para LMG em estágio inicial. O presente estudo almeja realizar uma revisão sistemática com meta-análise para determinar o índice de remissão histopatológica completa (RhC) do linfoma MALT gástrico *H. pylori*-positivo em estágio inicial após terapia de erradicação bacteriana.

Métodos: Realizou-se pesquisas independentes nas bases de dados PubMed/MEDLINE, Embase e Cochrane Central até setembro de 2022. Foram incluídos estudos observacionais retrospectivos e prospectivos que reportaram o RhC do linfoma MALT gástrico *H. pylori*-positivo em estágio inicial após terapia de erradicação bacteriana. Avaliou-se o risco de viés dos estudos incluídos utilizando-se as listas de verificação do Joanna Briggs Institute (JBI). Calculou-se a prevalência e os respectivos intervalos de confiança (95%CI) por modelo de efeitos aleatórios. A heterogeneidade foi avaliada utilizando-se o teste Q de Cochran e a estatística I² e considerada significativa se $p < 0,01$ e $I^2 > 50\%$. Análises de subgrupos e meta-regressão foram conduzidos para explorar potenciais fontes de heterogeneidade.

Resultados: Triou-se títulos e resumos de 1576 artigos; 96 foram recuperados e acessados na íntegra. Finalmente, 61 artigos foram incluídos na meta-análise de proporções (P-MA). Dentre estes, 46 eram estudos prospectivos e, 25, retrospectivos. Todos os estudos apresentaram risco de viés baixo ou moderado, à exceção de um. Um total de 2936 pacientes com LMG em estágio inicial positivos para *H. pylori*, nos quais a erradicação bacteriana foi bem sucedida, foram incluídos na análise. O índice de remissão completa de LMG em estágio inicial positivos para *H. pylori* após erradicação bacteriana combinada foi de 75,18% (IC95%: 70,45% - 79,91%). A P-MA indicou heterogeneidade substancial no RhC relatado (I² = 92%; $P < 0,01$). A meta-regressão identificou modificadores de efeito estatisticamente significativos, como a proporção de pacientes com LMG positivos para $t(11;18)(q21;q21)$ e o risco de viés em cada estudo.

Conclusão: Esta P-MA sugere a eficácia da erradicação do *H. pylori* como a terapia inicial única para o LMG em estágio