

**Introdução/objetivo:** Estudos prévios identificaram que pacientes internados em Unidades Terapia Intensiva (UTI) e colonizados por Micro-Organismos Multidroga-Resistentes (MDRO) apresentam risco aumentado de desenvolver Infecções Relacionadas à Assistência à Saúde (IRAS) por estes mesmos agentes. Este estudo teve o objetivo de avaliar fatores de risco para o desenvolvimento de IRAS em pacientes sabidamente colonizados por MDRO e internados em UTI.

**Métodos:** Entre janeiro e junho de 2023, todos os pacientes internados há mais 48 horas em UTI clínica, cirúrgica, neurológica e cardiológica do Hospital das Clínicas da Faculdade de Medicina de Botucatu foram submetidos semanalmente a coleta de swab oral, nasal e retal para identificação de colonizados. Todos eles foram avaliados quanto a presença de IRAS durante 30 dias, seguindo os critérios da Agência Nacional de Vigilância Sanitária de 2023, pela Comissão de Controle de IRAS da instituição. O método de regressão proporcional de Cox foi utilizado para avaliar os fatores de risco para desenvolvimento de IRAS entre os colonizados por MDRO, tanto em análise bivariada quanto múltipla, considerando-se significativo valores de  $p$  inferiores a 0,05.

**Resultados:** Foram identificados 127 pacientes colonizados. Enterobactérias resistentes a carbapenêmicos foram os agentes mais prevalentes de colonização (48,0%), seguido de *Pseudomonas aeruginosa* (15,0%) e complexo *Acinetobacter baumannii/calcoaceticus* (11,8%). Vinte e dois (17,3%) pacientes desenvolveram IRAS (densidade de incidência – DI=4,07/1000 pacientes-dia), com mediana de tempo entre colonização-infecção de 3 dias (2–16). Pneumonia associada à ventilação mecânica foi a infecção com maior DI (1,29/1000 pacientes-dia), seguida de traqueíte (1,11/1000 pacientes-dia), infecção do trato urinário associado à sondagem vesical de demora e infecção de pele e partes moles, ambas com DI=0,55/1000 pacientes-dia. Foram identificados como fatores independentes associados ao desenvolvimento de IRAS em pacientes colonizados por MDRO: escore de Charlson (Hazard Ratio – HR=1,21 [95% IC 1,04–1,40],  $p=0,01$ ), uso de nutrição parenteral (HR=5,72 [95% IC 1,47–22,24],  $p=0,01$ ) e uso prévio de polimixinas (HR=6,22 [95% IC 1,79–21,59],  $p=0,004$ ).

**Conclusão:** Este estudo demonstra que a gravidade do paciente, uso de nutrição parenteral e tratamento antimicrobiano com polimixinas aumentam o risco de desenvolvimento de infecção em pacientes colonizados por MDRO internados em UTI.

**Palavras-chave:** Colonização, Infecção relacionada a assistência micro-organismos resistentes

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103366>

#### GENÔMICA COMPARATIVA DE ISOLADOS CLÍNICOS DE PSEUDOMONAS AERUGINOSA RESISTENTES À COLISTINA

Bruno Luigi Bertuccelli<sup>a,\*</sup>,  
Paula Mariana Salgueiro de Souza<sup>b</sup>,  
Ingrid Aparecida Pereira da Silva<sup>b</sup>,  
Anna Carolina Soares Almeida<sup>a</sup>

<sup>a</sup> Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, PE, Brasil;

<sup>b</sup> Universidade de Pernambuco, Recife, PE, Brasil

**Introdução/Objetivo:** *Pseudomonas aeruginosa* é um patógeno oportunista comumente reportado como causador de infecções em ambientes hospitalares, cujo tratamento está se tornando mais desafiador devido a sua emergência como patógeno Multirresistente (MDR). A colistina é um antibiótico de último recurso usada contra cepas MDR de *P. aeruginosa*. No entanto, com o aumento do uso de polimixinas, o surgimento de isolados de *P. aeruginosa* resistentes a essas drogas tem sido cada vez mais relatado em todo o mundo. Com base nesse contexto, esse estudo objetivou realizar uma comparação entre genomas de *P. aeruginosa* resistentes a colistina.

**Metodologia:** Este estudo foi realizado a partir da comparação de 46 genomas de *P. aeruginosa*, sendo 40 deles obtidos através do banco de dados do NCBI e 5 genomas, de isolados clínicos de *P. aeruginosa* resistentes a colistina provenientes dos serviços de microbiologia dos laboratórios de dois hospitais públicos da cidade do Recife/PE. As sequências foram analisadas com as ferramentas Geneious Prime<sup>®</sup> (Biomatters), MEGA (Molecular evolutionary genetics analysis) e BUSTED para alinhamento e análise comparativa, construção de árvores filogenéticas e busca por evidências de seleção positiva de 4 Sistemas de dois componentes (PhoPQ, PmrAB, ParRS, CprRS) presentes nas cepas de *P. aeruginosa* analisadas e previamente relacionados com a resistência a Colistina. A cepa PA01 foi utilizada como referência.

**Resultados:** Foi possível identificar SNPs importantes para a aquisição da resistência. Os genes responsáveis pela regulação (pmrA, phoP, parR, cprR) mostraram-se nos grupos de isolados resistentes mais consistentes quando comparados com os codificadores de histidina quinase. Os genes pmrB, parS e cprS, tiveram um número elevado de substituições pontuais quase sempre encontradas em cepas resistentes. As árvores filogenéticas demonstraram o mesmo caminho evolutivo para aquisição da resistência.

**Conclusão:** Não foi possível identificar SNPs de destaque em um dos TCSs dentre os demais em relação a resistência a Colistina. Os genes responsáveis pela codificação da proteína histidina quinase sofreram mais mutações que podem impactar a sua função, em relação aos seus complementos reguladores. As linhagens devem ter sofrido o mesmo caminho evolutivo, em um fenômeno de convergência adaptativa, como uma resposta à pressão seletiva imposta pela presença do antimicrobiano.

**Palavras-chave:** Resistência bacteriana a antibióticos, Bioinformática, Genética bacteriana

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103367>

#### GENES DE RESISTÊNCIA AOS CARBAPENÊMICOS EM ISOLADOS CLÍNICOS DE DIFERENTES ESPÉCIES DA ORDEM ENTEROBACTERIALES PROVENIENTES DE PACIENTES DE UM HOSPITAL DE RECIFE-PE

Lamartine Rodrigues Martins\*,  
Maria Izabely Silva Pimentel, Érica Maria de Oliveira,  
Elizabeth Maria Bispo Beltrão,  
Ana Catarina Souza Lopes

Universidade Federal de Pernambuco (UFPE), Recife, PE, Brasil