

**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

**Introdução/Objetivo:** As bactérias da ordem Enterobacteriales são um problema de saúde pública no Brasil, isoladas especialmente de IRAS e culturas de vigilância (swab retal) em hospitais, podendo apresentar resistência aos carbapenêmicos. O objetivo foi investigar a presença de genes de resistência aos carbapenêmicos blaKPC, blaNDM, blaGES, blaVIM, blaIMP e blaOXA-48-LIKE em isolados de Enterobacteriales provenientes de pacientes de um hospital em Recife-PE.

**Métodos:** Foram selecionados 45 isolados resistentes a um ou mais carbapenêmicos por demanda espontânea, tanto de colonização quanto de sítios infecciosos. Inicialmente, foram cultivadas em placas com meio BHI (*Brain Heart Infusion*) e EMB (*Eosin Methylene Blue*). O perfil de susceptibilidade antimicrobiana foi determinado através do equipamento automatizado BD Phoenix™. Após a confirmação, foi realizada a extração do DNA total e realizada a técnica de Reação em Cadeia da Polimerase para a identificação dos genes. Em seguida, foi realizado o sequenciamento dos amplicons.

**Resultados:** Foram analisados isolados clínicos provenientes de sítios infecciosos (n=33) e de culturas de vigilância (n=12). Sete espécies de Enterobacteriales que possuíam genes de resistência blaNDM e blaKPC. Entre elas, as espécies mais prevalentes foram *Klebsiella pneumoniae* (n=19), *Serratia marcescens* (n=8) e *Proteus mirabilis* (n=7), seguidas por *Providência stuartii* (n=5), *P. rettgeri* (n=3), *Enterobacter cloacae* (n=2) e *Morganella morganii* (n=1). Em relação ao gene blaKPC, *S. marcescens* foi a espécie com maior ocorrência (n=8), enquanto para o gene blaNDM, *K. pneumoniae* (n=15) e *P. mirabilis* (n=3) foram as mais frequentes. A co-presença dos genes blaNDM e blaKPC. foi observada em quatro espécies do estudo, sendo *P. stuartii* (n=4) a espécie de maior ocorrência nesse caso.

**Conclusão:** A detecção de múltiplas espécies portadoras dos genes blaKPC e blaNDM e o número maior de bla-NDM, indicam uma disseminação significativa desses genes resistência. Tais resultados destacam a necessidade urgente de estratégias de controle de infecções, a fim de garantir que os pacientes tenham um nível de segurança aceitável, e não comprometendo a eficácia dos tratamentos disponíveis durante a estadia dentro do ambiente hospitalar.

**Palavras-chave:** Hospital , Infecções , Nosocomiais , Carbapenêmicos

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103368>

#### GENES PARA CARBAPENEMASES BLAKPC E BLANDM EM ISOLADOS DE KLEBSIELLA PNEUMONIAE PROVENIENTES DE SÍTIOS DE INFECÇÃO E COLONIZAÇÃO DE PACIENTES DE UM HOSPITAL PÚBLICO 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

**Introdução/Objetivo:** As carbapenemases presentes em cepas de *Klebsiella pneumoniae* de pacientes internados constituem uma grave problemática para o tratamento,

especialmente os genes blaKPC-2, e o blaNDM. Diante do exposto o objetivo desse trabalho foi investigar a presença dos genes de resistência aos carbapenêmicos blaKPC, blaNDM, blaGES, blaVIM, blaIMP e blaOXA-48-LIKE em isolados clínicos de *Klebsiella pneumoniae* provenientes de pacientes de um hospital de Recife-PE.

**Métodos:** Foram selecionadas 19 isolados clínicos resistentes aos carbapenêmicos por demanda espontânea, tanto de colonização (swab retal) quanto de sítios infecciosos de pacientes internados. O perfil de susceptibilidade antimicrobiana foi determinado através do equipamento automatizado BD Phoenix™. Após a confirmação, foi realizada a extração do DNA total e realização da técnica de Reação em Cadeia da Polimerase para a identificação dos genes. Em seguida, foi realizado o sequenciamento dos amplicons.

**Resultados:** Foram identificados os genes blaKPC e blaNDM. Em relação ao blaKPC, sua presença foi detectada em três cepas, sendo duas originárias de culturas de vigilância e uma de hemocultura. Quanto ao blaNDM, foram identificadas 15 cepas, sendo nove provenientes de culturas de vigilância e seis de sítios infecciosos. Foi observada a co-presença dos genes blaKPC e blaNDM em uma cepa isolada de cultura de vigilância. Das amostras analisadas, dez foram obtidas de culturas de vigilância e nove de sítios infecciosos, incluindo dois casos de sangue, dois de ponta de cateter, dois de urina, um de secreção de ferida, um de tecido e um de fragmento ósseo.

**Conclusão:** Foi observada uma maior presença do gene blaNDM, independentemente da origem da amostra (infecção ou colonização), destacando a necessidade urgente de medidas de controle de infecções. Demonstrando a importância das culturas de vigilância, pois tais cepas estavam disseminadas no ambiente hospitalar, e caso não seja realizado o isolamento correto dos pacientes infectados por cepas que possuam os genes blaKPC e blaNDM, podem ocorrer surtos hospitalares ou mesmo a autoinfecção causada por tais cepas em casos de imunossupressão do paciente ou em falhas nos cuidados de higiene.

**Palavras-chave:** Hospital , Resistência , Bacteriana a Anti-bióticos , Beta-Lactamases

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103369>

#### HEMOCULTURA POSITIVA PARA BACILLUS SPP.: INVESTIGAÇÃO E ANÁLISE DE CASOS

Fabiana Silva Vasques<sup>a,\*</sup>, Valeria Egea Bastos Gomes<sup>c</sup>,  
Aliana M. Fernandes<sup>a</sup>, Cristhieni Rodrigues<sup>b</sup>,  
Luciana Rodrigues da Silva<sup>c</sup>, Jara Libia Costa Louredo<sup>c</sup>,  
Leonardo B. Rodrigues<sup>c</sup>, Raquel Keiko de Luca Ito<sup>c</sup>,  
Odéli Nicole Encinas Sejas<sup>c</sup>, Camilada Silva Bicalho<sup>c</sup>,  
Edson Abdala<sup>c</sup>

<sup>a</sup> Alta Laboratório; Brasil;

<sup>b</sup> Dasa Laboratório; Brasil;

<sup>c</sup> Hospital DASA Nove de Julho, São Paulo, SP, Brasil

**Introdução/Objetivo:** *Bacillus spp.* são bactérias em forma bastonetes, Gram positivas, podendo estar associadas a microbiota cutânea habitual ou a contaminação de amostras clínicas. No entanto, algumas espécies (*Bacillus cereus*), estão