

Pernambuco e determinar o perfil de susceptibilidade dos isolados clínicos frente a fluconazol e voriconazol.

Metodologia: A pesquisa recebeu aprovação do Comitê de Ética em Pesquisa com Seres Humanos da Universidade Federal de Pernambuco, e está sob protocolo CAAE: 00480818.0.0000.5208. Os dados clínico-epidemiológicos foram coletados diretamente dos prontuários. A determinação da Concentração Inibitória Mínima (CIM) seguiu a técnica de microdiluição em caldo estabelecida pelo protocolo M27-A4 do *Clinical Laboratory Standards Institute* (CLSI, 2017).

Resultados: De dezembro de 2021 a setembro de 2022, 54 isolados clínicos de *C. auris* foram obtidos de 47 pacientes críticos. O gênero masculino foi o mais acometido (81%; n=38/47), com uma idade média geral de 47 anos. O tempo de permanência médio no hospital foi de 46 dias, contudo, tal dado se aplica a apenas 64% (n=30/47) dos pacientes, devido aos dados de evolução incompletos nos prontuários. Não foram encontradas diferenças entre os desfechos clínicos – alta e óbito foram relatados em 40% (n=19/47) dos casos cada. Em relação ao sítio de coleta de isolamento fúngico, houve uma maior frequência de isolamento a partir da região axilar/inguinal (85%; n=46/54). Seis isolados (11%) foram recuperados de amostras de urina e quatro cepas (7%) foram obtidas a partir do sangue de um paciente. Todos os isolados clínicos foram considerados selvagens frente aos triazólicos testados. Para fluconazol, as CIMs variaram de 0,12 a 2 µg/mL; já para o voriconazol, as CIMs variaram de 0,03 a 0,5 µg/mL.

Conclusão: Este estudo relatou uma alta sensibilidade das cepas de *C. auris* de Pernambuco para triazólicos, o que pode contribuir com as políticas públicas de saúde juntamente com o mapeamento epidemiológico desta levedura.

Palavras-chave: Levedura emergente, Monitoramento epidemiológico, Teste de Sensibilidade Antifúngica

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103396>

MECANISMOS DE VIRULÊNCIA EM ISOLADOS CLÍNICOS DO GÊNERO ACINETOBACTER REVELADOS ATRAVÉS DA CIÊNCIA DE DADOS ÔMICOS E BIOINFORMÁTICA

Fabio F. da Mota^{a,*}, Juan Vitor G. de Souza^a,
Julia P. de Albuquerque^b

^a Laboratório de Biologia Computacional e Sistemas, Fundação Oswaldo Cruz (FIOCRUZ), Rio de Janeiro, RJ, Brasil;

^b Laboratório de Enteropatógenos, Microbiologia Veterinária, Ambiental e de Alimentos, Instituto Biomédico, Universidade Federal Fluminense (UFF), Niterói, RJ, Brasil

Introdução: Bactérias do gênero *Acinetobacter* são uma das principais causas de Infecções Relacionadas à Assistência à Saúde (IRAS) em todo o mundo, causando principalmente severas bacteremias e pneumonias, além de infecções urinárias, dentre outras. A maioria desses isolados é multirresistente a antibióticos ou biocidas, o que aumenta tanto a sua persistência quanto a disseminação no ambiente hospitalar, tornando-os grandes desafios na prática clínica. Indivíduos portadores de doenças crônicas, como a fibrose cística, são mais suscetíveis a infecções respiratórias e necessitam de

internações frequentes, sendo um grupo de risco para IRAS por bactérias multirresistentes. A multirresistência está entre as três principais ameaças à saúde pública global e *A. baumannii* é prioridade crítica da OMS dentre os 12 patógenos bacterianos de maior ameaça mundial; desta forma, compreender os mecanismos de virulência dessas bactérias é crucial para o desenvolvimento de novos agentes antimicrobianos ou novas alternativas para combater esses patógenos.

Métodos: A partir da utilização de bases de dados públicas de dados ômicos, como Refseq e Biosample do NCBI, algumas centenas de isolados de *Acinetobacter spp.* (53% de origem clínica e 47% de origem não-clínica) foram comparadas com bioinformática e scripts desenvolvidos em linguagem Python, que auxiliaram na identificação dos mecanismos de virulência através da ciência de dados ômicos.

Resultados: Mecanismos de captura, transporte e utilização de ferro, histidina, taurina e ureia em tecidos do hospedeiro, se mostraram evolutivamente importantes em infecções por *Acinetobacter spp.* patogênicos. Assim como alguns mecanismos de evasão do sistema imune – vias de síntese de polissacarídeos capsulares a partir da trealose e a via de indução de morte celular no hospedeiro através do sistema de secreção do tipo II, um complexo proteico que transporta proteínas efetoras diretamente para dentro de células de defesa do hospedeiro.

Conclusão: Este estudo revelou importantes mecanismos de virulência de *Acinetobacter spp.* envolvidos na colonização de tecidos do hospedeiro e evasão do sistema imune, os quais são mantidos evolutivamente nas linhagens patogênicas e podem auxiliar na identificação de novos alvos terapêuticos para o combate de cepas multirresistentes destes patógenos emergentes.

Palavras-chave: *Acinetobacter*, Virulência bioinformática, Ciência de dados multirresistência

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.103397>

MENINGITE POR CHRYSEOBACTERIUM INDOLOGENS: RELATO DE CASO E REVISÃO DE LITERATURA

Mayara Cavalcante Silvestre^{a,*},
Vanessa Lentini da Costa Zarpellom^b,
Juan Isidro Pla de Leon^b

^a Faculdade Santa Marcelina, São Paulo, SP, Brasil;

^b Hospital Santa Marcelina, São Paulo, SP, Brasil

O gênero *Chryseobacterium* é composto por bacilos aeróbicos gram-negativos que sobrevivem à cloração da água. Estes microrganismos são produtores de biofilme e proteases, como Beta-lactamases classe A e classe B, que os tornam resistentes a penicilinas, aminoglicosídeos, carbapenêmicos e as primeiras gerações de cefalosporinas. O relato do caso envolve uma paciente do sexo feminino, 3 meses de idade, prematura de 34 semanas, baixo peso, APGAR 8/9, que apresenta má formação congênita com mielomeningocele e hidrocefalia. Houve necessidade de correção e colocação de Derivação Ventrículo-Peritoneal (DVP) na semana seguinte ao nascimento, com quadro de enterocolite associada. Houve necessidade de ressecção de íleo distal, colón ascendente e