

OCORRÊNCIA DE GENES DE BLANDM E BLAKPC EM ISOLADOS DE KLEBSIELLA PNEUMONIAE INFECTANDO PACIENTES COM COVID-19 E SEM COVID-19 DE UM HOSPITAL PÚBLICO DE RECIFE-PE

Maria Izabely Silva Pimentel^{b,*},
Lamartine Rodrigues Martins^b,
Érica Maria de Oliveira^b,
Elizabeth Maria Bispo Beltrão^b, Moacir Batista Jucá^a,
Ana Catarina de Souza Lopes^b

^a Hospital Agamenon Magalhães, Recife, PE, Brasil;

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

Introdução/Objetivo: Durante a pandemia de COVID-19 muitos microrganismos estavam envolvidos em casos de coinfeção ou infecções secundárias. Dentre esses, a *Klebsiella pneumoniae* é uma das espécies bacteriana de maior ocorrência, que se torna ainda mais preocupante pois possui diversos mecanismos de resistência bacteriana. O objetivo desse trabalho foi investigar a ocorrência dos genes blaKPC e blaNDM e a susceptibilidade aos antimicrobianos de isolados clínicos de *K. pneumoniae* provenientes de infecção em pacientes com e sem COVID-19 confirmado por teste de RT-PCR para SARS-CoV2, em um hospital público de Recife-PE.

Métodos: Foram analisados 30 isolados de *K. pneumoniae*, sendo 15 de pacientes com COVID-19 e 15 de pacientes sem COVID-19. Foi realizada a pesquisa de genes de resistência (blaKPC e blaNDM) por Reação em Cadeia de Polimerase, seguido do sequenciamento dos amplicons. O perfil de susceptibilidade antimicrobiana foi determinado através do equipamento automatizado BD PhoenixTM. Os dados secundários dos pacientes foram obtidos por meio dos prontuários eletrônicos disponibilizado pelo hospital de estudo.

Resultados: Todos os isolados apresentaram resistência às cefalosporinas de terceira geração e 90% (n=27) foram resistentes à pelo menos um carbapenêmico testado (imipenem, ertapenem ou meropenem). Os três isolados que não foram resistentes, eram oriundos de pacientes com COVID-19. Vinte e cinco (83%) apresentaram resistência a pelo menos um aminoglicosídeo testado (gentamicina ou ampicacina) e 26 (87%) à quinolonas. A polimixina B e a colistina foram os antimicrobianos que apresentou melhor ação. As análises moleculares mostraram que 43% (n=13) dos isolados foram positivos para blaNDM; 17% (n=5) para blaKPC e 30% (n=9) foram simultaneamente positivos para os dois genes. A detecção do gene blaNDM foi maior (n=23), quando comparado ao blaKPC (n=14). Os pacientes sem COVID-19 possuíam maior faixa etária e mais comorbidades quando comparados aos pacientes com COVID-19, além disso, os pacientes sem COVID-19 tiveram a maior taxa de óbito.

Conclusão: A maioria dos isolados carregavam pelo menos um dos genes de resistência pesquisados, demonstrando uma maior ocorrência de gene blaNDM do que de blaKPC. Não houve diferença na ocorrência desses genes entre os isolados oriundos de pacientes com COVID-19 e sem COVID-19.

Palavras-chave: Bactéria Resistência , COVID-19

PERFIL DE RESISTÊNCIA DE BACILOS GRAM NEGATIVOS ISOLADOS EM CULTURAS DE PACIENTES COM IRAS INTERNADOS POR COVID-19 GRAVE EM UTI

João Pedro Silva Moreira*, Aluisio Martins Junior,
Juliana Gerhardt Moroni, Vinicius Furlan Erkmann,
Brunno Luis Brugnara Orlando,
Carla Sakuma de Oliveira, Thiago Simões Giancursi,
Gustavo Allan Marra

Universidade Estadual do Oeste do Paraná (UNIOESTE),
Cascavel, PR, Brasil

Introdução: As intervenções hospitalares relacionadas à infecção por SARS-CoV-2 podem, por várias vezes, aumentar o risco de infecções relacionadas à assistência à saúde (IRAS) e, conseqüentemente, a aquisição de microrganismos multi-resistentes responsáveis por altas taxas de mortalidade. Dentre os principais representantes dos Bacilos Gram Negativos (BGN) associados a IRAS em UTI, estão *A. baumannii* e *P. aeruginosa*.

Objetivos: Este estudo objetiva avaliar a incidência, perfil de resistência de BGN causadores de IRAS em pacientes internados por COVID-19 em uma unidade hospitalar no oeste do estado do Paraná, Brasil. Bem como, a mortalidade desses pacientes em vigência da infecção.

Metodologia: Estudo retrospectivo incluindo os pacientes com confirmação laboratorial de COVID-19 com necessidade de internamento em UTI entre janeiro e dezembro de 2021 que apresentaram IRAS confirmada por cultura e critérios de equipe da Comissão de Controle de Infecção Hospitalar (CCIH) por BGN, sendo analisado incidência dos microrganismos nas culturas, perfil de resistência apresentado e o desfecho.

Resultados: Foram analisados prontuários de 836 pacientes: desses, 237 apresentaram cultura positiva para bactéria Gram-negativas no período avaliado. Constatou-se 318 culturas positivas, sendo 64,7% aspirados traqueais, 29,5% hemoculturas, 4,4% uroculturas, 1,2% ponta de cateter. Acerca dessas culturas, 230 (72,3%) são referentes a BGN não fermentadores (71,3% *A. baumannii*; 18,7% *P. aeruginosa*; 5,7% *S. maltophilia*; 3% *B. cepacia*; 0,9% *P. putida*; 0,4% *A. denitrificans*), sendo 73,5% resistentes a carbapenêmicos e 1,3% resistentes a Polimixina; Dentre os BGN enterobactérias, foram positivas 88 (27,7%) culturas (69,3% *K. pneumoniae*; 9,1% *E. cloacae*; 6,8% *E. coli*; 5,7% *P. mirabilis*; 5,7% *S. marsecens*; 2,3% *E. aerogenes*; 1,1% *K. oxytoca*), sendo 39,8% resistentes a cefalosporina de 4ª Geração (ESBL), 25% resistentes a carbapenêmicos e 10,2% resistentes a Polimixina. Dentre esses pacientes, foi observada uma mortalidade de 58,2%, sendo 73,9% em vigência de IRAS.

Conclusão: Observa-se, como verificado por estudos prévios, a alta incidência de IRAS por patógenos resistentes, em especial *A. baumannii*, em pacientes internados em UTI por COVID-19, gerando desfechos menos favoráveis e alta mortalidade. Desse modo, evidencia-se a necessidade do maior controle dessas infecções por meio da intensificação de medidas de biosegurança e educação continuada de toda a equipe assistente.

Palavras-chave: IRAS , Bacilos Gram Negativos , SARS-CoV2 , COVID-19 , UTI