

EP-061 - TUBERCULOSE MULTIDROGA-RESISTENTE: ANÁLISE EPIDEMIOLÓGICA E IDENTIFICAÇÃO DE FATORES DE RISCO

Heloísa Rodrigues Marmé,
Luiza Bisognin Marchesan,
Beatriz Alves Gonçalves,
Catarina Spohr Saretta,
Isadora Pereira do Nascimento,
Melissa Fernandes Vilela de Freitas,
Sofia Zulianeli Carvalho Andrade

Universidade Metropolitana de Santos (UNIMES),
Santos, SP, Brasil

Introdução: A tuberculose (TB) segue entre as principais causas de morte global, com o surgimento de cepas de *Mycobacterium tuberculosis* resistentes representando um desafio significativo. A tuberculose multidroga-resistente (TB-MDR), resistente a pelo menos dois medicamentos essenciais no tratamento - rifampicina (RIF) e isoniazida (INH) - representa uma séria ameaça ao controle global da doença. Nesse contexto, é crucial uma análise aprofundada da epidemiologia da condição e dos fatores de risco associados à TB-MDR, visando implementar medidas eficazes de controle e prevenção.

Objetivo: Analisar a epidemiologia da tuberculose e de sua forma multidroga-resistente e descrever os fatores de risco associados.

Método: Realizou-se uma revisão integrativa da literatura em abril de 2024, utilizando as bases de dados eletrônicas Biblioteca Virtual de Saúde, Scielo e PubMed e os descritores "Tuberculosis, Multidrug-Resistant", "Therapeutics" e "Prevention and Control". Os critérios de inclusão foram: artigos originais publicados na íntegra, período de 2015 a 2024 e idiomas Português, Inglês e Espanhol. Ao término da análise, foram selecionados 05 artigos para desenvolver o presente estudo.

Resultados: Segundo a Organização Mundial de Saúde, em 2023, o Relatório Global de Tuberculose aponta um aumento alarmante, com 7,5 milhões de casos de tuberculose em 2022, marcando o maior número registrado desde o início do monitoramento, em 1995. No Brasil, de 2015 a 2022, foram registrados 735 mil casos, conforme dados do Departamento de Informações e Informática do Sistema Único de Saúde (DATA-SUS). No contexto da tuberculose multidroga-resistente, observa-se que o número de casos no mundo manteve-se estável de 2020 a 2022, totalizando 410 mil casos no ano de 2022. Diversos fatores de risco são apontados como essenciais para o desenvolvimento da TB-MDR, como hospitalizações prévias, coinfeção com o vírus da imunodeficiência humana (HIV), prescrições inadequadas (como altas dosagens e distribuições inapropriadas de drogas), histórico prévio da doença, idade acima de 60 anos, sexo masculino e desnutrição.

Conclusão: Observa-se que a tuberculose multidroga-resistente é resultado de uma interseção complexa de fatores. Para efetivamente controlar essa condição, é crucial investir em diagnóstico precoce e educação em saúde, fortalecer os sistemas de monitoramento da doença, abordar comorbidades relacionadas e controlar o uso inadequado de medicamentos.

EP-062 - COMPARAÇÃO GENOTÍPICA E FENOTÍPICA DO GENE MECA EM ISOLADOS DE STAPHYLOCOCCUS PSEUDINTERMEDIUS DE ORIGEM VETERINÁRIA PROVENIENTES DA GRANDE SÃO PAULO

Rafaela Espinosa, Débora Minkovicius,
Fabio Mitsuo Lima, Dyana Alves Henriques,
Marjorie M. Marini

Centro Universitário São Camilo, São Paulo, SP,
Brasil

Introdução: A OMS tem como prioridade a identificação de bactérias e genes de resistência utilizando a abordagem de Saúde Única para enfrentar a resistência aos antimicrobianos. Assim, o presente trabalho visa identificar, entender e rastrear a disseminação da resistência aos antimicrobianos nos animais de companhia. *Staphylococcus pseudintermedius* é o principal causador de piodermites e otites em cães. Assim como no *S. aureus*, a resistência aos beta-lactâmicos é mediada pela presença do gene *mecA*, contido no cassete SCCmec. Por conta do potencial zoonótico, o *S. pseudintermedius* tem se tornado objeto de estudo importante para o sistema de saúde única, sendo alvo de pesquisas que contemplem tanto a resolução quanto a prevenção da disseminação dessas bactérias e seus genes de resistência.

Objetivo: Avaliar o perfil fenotípico de resistência a drogas nas linhagens de *S. pseudintermedius* isolados de animais de companhia e comparar o perfil genotípico de resistência à oxacilina.

Método: Foram utilizados 51 isolados de *S. pseudintermedius*, cuja identidade foi confirmada pelo sequenciamento da região V1-V3 do gene 16S rDNA, oriundos do setor de microbiologia de um laboratório de diagnóstico veterinário. A caracterização fenotípica da resistência aos beta-lactâmicos, foi realizada pelos testes de disco-difusão (CLSI-VET 2024; BRCAS, 2024). A detecção do gene *mecA* foi realizada pela técnica de PCR.

Resultados: Na avaliação fenotípica, 7 dos 51 isolados testados (13%) apresentaram resistência a todos os beta-lactâmicos testados, incluindo oxacilina. O gene *mecA* foi amplificado em 10 isolados e houve concordância entre o fenótipo e genótipo em 85% dos casos avaliados. Entretanto, foram identificadas discrepâncias entre o perfil genotípico e fenotípico em 5 dos 51 isolados testados. Em uma amostra SPRM, o gene *mecA* não foi amplificado e em 4 amostras sensíveis à oxacilina com diferentes perfis de resistência em relação aos outros antimicrobianos beta-lactâmicos foram positivas para a presença do gene *mecA*.

Conclusão: *S. pseudintermedius* apresenta potencial zoonótico e pode funcionar como fonte de transferência de genes de resistência entre isolados humanos e veterinários. Nosso trabalho mostra a circulação de *Staphylococcus pseudintermedius* resistentes em animais de companhia da grande São Paulo. Conhecer o contexto genético da resistência pode auxiliar na compreensão dos mecanismos de resistência envolvidos e rastrear a disseminação entre isolados de origem veterinária.