

portanto um possível reservatório de transmissão para humanos.

**Objetivo:** Este estudo tem como objetivo descrever a frequência de bactérias produtoras de ESBL em animais de companhia (gatos e cachorros) e a relação com as bactérias produtoras de ESBL encontradas nas gestantes.

**Método:** Foram coletadas amostras fecais de animais de estimação, tanto cachorros quanto gatos, de 25 gestantes da cidade de São Paulo, São Paulo - Brasil que realizam pré-natal no Hospital dos Servidores Estadual (IAMSP). As participantes preencheram um formulário do Google Form e receberam um código de identificação para cada animal de estimação. As amostras foram processadas e semeadas em meio seletivo ESBL. Os isolados bacterianos serão identificados por meio de MALDI-TOF, e a resistência antimicrobiana foi avaliada por meio do teste de difusão em disco. Para detecção de genes de resistência foi realizada PCR e para identificação do perfil clonal foi realizada Eletroforese em Gel de Campo Pulsado (PFGE). Isolados bacterianos produtores de ESBL foram ainda selecionados para o sequenciamento completo do genoma baseado na clonalidade.

**Resultados:** Foram coletadas 38 amostras de animais de estimação (28 cachorros e 10 gatos) de 25 gestantes, das quais 12 amostras de animais de estimação, apresentaram crescimento em meio seletivo ESBL. Destas amostras, 5 foram identificadas como *E. coli*. Além de outras bactérias como *Pseudomonas chlororaphi*, *Enterobacter hormaechei*, *Enterococcus hirae*, *Klebsiella pneumoniae*, *Enterococcus faecalis*, *Bacillus cereus*. 1 animal de estimação tinha menos de 6 meses, 2 animais de estimação tinham entre 6 meses e 1 ano, 23 animais de estimação tinham entre 1 e 5 anos e 12 tinham mais de 5 anos. 7 animais de estimação receberam antibióticos nos últimos 3 meses.

**Conclusão:** *E. coli* foi identificada em amostras de gestantes e animais de estimação, mas não foi observada coincidência entre as gestantes e seus animais quanto à presença de *E. coli*.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2024.104218>

#### EP-313 - EXPERIÊNCIA DO DIAGNÓSTICO MOLECULAR DE LEPTOSPIROSE EM PACIENTES ATENDIDOS NO HOSPITAL DAS CLINICAS DA FMUSP

Gustavo Guilherme Soares-Viana,  
Ana Catharina de Seixas Santos Nastro,  
Marcos Bryan Heinemann,  
João Renato Rebelo Pinho,  
Michele Soares Gomes-Gouvêa

Faculdade de Medicina da Universidade de São Paulo (FMUSP), São Paulo, SP, Brasil

**Introdução:** A leptospirose, uma zoonose disseminada por animais através da urina, é uma preocupação global em saúde pública, especialmente em áreas tropicais. Os exames mais comuns para diagnóstico da leptospirose são os sorológicos, que somente são eficientes para o diagnóstico da doença na fase tardia. A utilização da PCR em tempo real tem se mostrado extremamente importante para diagnóstico rápido e precoce da doença em pacientes com suspeita clínica.

**Objetivo:** Este estudo visou a aplicação da metodologia de PCR em tempo Real para o diagnóstico de leptospirose em casos com critérios clínicos e/ou epidemiológicos sugestivos dessa infecção.

**Método:** De Janeiro/2023 a Abril/2024 foram incluídos 20 pacientes que deram entrada no Hospital das Clínicas da Faculdade de Medicina da Universidade de São Paulo (HC-FMUSP) apresentando febre, cefaleia e mialgia e pelo menos um dos critérios de caso suspeito de leptospirose estabelecidos pelo guia de vigilância epidemiológica do Ministério da Saúde. Amostras de sangue total com EDTA, plasma, soro e urina foram coletadas e encaminhadas para o processamento. Foram utilizados kits comerciais para a extração de DNA e para a PCR em tempo real foi utilizado o sistema TaqMan® com primers e sondas específicos para leptospirosas patogênicas a humanos.

**Resultados:** O DNA de leptospirose foi detectado em amostras de 9 (45%) dos 20 pacientes incluídos, o tempo de doença variou de 5 a 15 dias. Para fins de comparação da sensibilidade da PCR em diferentes tipos de amostras foram testadas amostras de soro, sangue total, plasma e urina. Entre os 20 casos incluídos, de 9 foram coletados os diferentes tipos de amostras, sendo o DNA bacteriano detectado em alguma das amostras analisadas de 4 desses casos: todos apresentaram positividade na amostra de urina, 2 apresentaram positividade também nas amostras de soro e sangue total, e 1 apresentou positividade na amostra de plasma, além da urina. Pelo ciclo de amplificação observado em cada amostra é possível sugerir a presença de maior concentração de bactérias nas amostras de urina.

**Conclusão:** Embora o principal objetivo do uso do método molecular seja para diagnóstico da leptospirose na fase de leptospirêmica (fase precoce da infecção), este estudo demonstrou que a utilização dessa ferramenta como diagnóstico da infecção auxilia também na fase tardia (fase imunológica). Além disso, os resultados observados até o momento sugerem que a urina é a melhor amostra a ser analisada para diagnóstico especialmente na fase tardia.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2024.104219>

#### ÁREA: RESISTÊNCIA MICROBIANA NA PRÁTICA CLÍNICA

#### EP-314 - ASPECTOS CLÍNICOS E PERFIL DE PACIENTES COM INFECÇÃO E COLONIZAÇÃO POR KLEBSIELLA PNEUMONIAE COPRODUTORA DE KPC E NDM EM UM HOSPITAL UNIVERSITÁRIO DE SANTA CATARINA

Helena da Rosa Steiner, Kharol Neves,  
Natália Inácio Faustino,  
Juliana Lemos Dal Pizzol,  
Thaís Cristine Marques Sincero,  
Ana Carolina Rabello de Moraes,  
Jussara Kasuko Palmeiro

Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC),  
Florianópolis, SC, Brasil

**Introdução:** Após a pandemia de COVID-19, a resistência bacteriana na saúde pública piorou, com um aumento preocupante de Enterobacterales resistentes aos carbapenêmicos. A criticidade desse cenário se deve à emergência da coprodução de diferentes carbapenemases, especialmente KPC e NDM. Essa emergência é agravada pela ineficácia dos novos antimicrobianos, resultando em infecções de difícil tratamento.

**Objetivo:** O objetivo deste estudo foi avaliar o perfil e os aspectos clínicos dos pacientes que apresentaram isolados de *K. pneumoniae* coprodutora de KPC e NDM em um hospital universitário de Santa Catarina.

**Método:** Trata-se de um estudo observacional retrospectivo com coleta de dados registrados em prontuários nos anos de 2021 e 2022.

**Resultados:** O estudo envolveu 31 casos de portadores de *K. pneumoniae* coprodutora, dos quais 11 desenvolveram infecção e 20 eram apenas colonizados. A idade dos pacientes variou entre 23 e 83 anos, com uma mediana (Md) de 54 anos; 14 eram do sexo feminino e 17 do sexo masculino. Do total de casos, 28 receberam antibioticoterapia prévia, incluindo meropenem, piperacilina-tazobactam e/ou ceftriaxona; 25 foram submetidos a procedimentos no centro cirúrgico e/ou admitidos na UTI, enquanto apenas 6 não foram em nenhum desses locais. O tempo para a detecção da coprodução após a admissão hospitalar variou de 0 a 43 dias (Md = 11 dias); 13 pacientes apresentaram isolado bacteriano apenas em swab retal (cultura de vigilância) e 18 em cultura de amostra clínica (secreção traqueal, urina, líquido abdominal e/ou sangue); 11 pacientes receberam tratamento com ceftazidima-avibactam e aztreonam após a detecção do isolado, dos quais 7 foram a óbito (64%). A mortalidade geral foi de 42% (13/31), e o tempo decorrido desde a detecção da bactéria coprodutora até o óbito variou de 2 a 42 dias (Md = 10 dias). Todos os pacientes que evoluíram para óbito foram afetados por complicações hepáticas e/ou biliares, resultando em agravamento respiratório e/ou choque séptico.

**Conclusão:** Com base nos dados obtidos, foi possível traçar um perfil dos pacientes afetados. Esses resultados ressaltam a necessidade de um estudo mais abrangente para uma avaliação detalhada dos fatores de risco associados. Tal estudo permitirá o desenvolvimento de estratégias e protocolos institucionais para uma detecção precoce desse perfil de paciente, podendo promover um manejo terapêutico mais eficaz e uma detecção laboratorial mais ágil, resultando na redução da mortalidade, do tempo de internação e dos custos para o serviço de saúde.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2024.104220>

**EP-315 - CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE UROPATÓGENOS RESISTENTES À FOSFOMICINA ISOLADOS DE PACIENTES ATENDIDOS EM 34 UNIDADES BÁSICAS DE SAÚDE (UBSS)**

Inneke Marie Van Der Heijden,  
Danilo Gennari da Costa,  
Letícia Silva Figueiredo,

Daniela A. Verlotta Pestili,  
Raquel Enma Hurtado Castillo,  
Alexandre José Natário,  
Catarina Pallares Almeida, Nazareno Scaccia,  
Fernando L. Affonso Fonseca,  
Silvia Figueiredo Costa

Faculdade de Medicina da Universidade de São Paulo (FMUSP), São Paulo, SP, Brasil  
Centro Universitário Faculdade de Medicina do ABC (FMABC), Santo André, SP, Brasil

**Introdução:** A resistência à fosfomicina em Enterobacterales representa uma preocupação crescente, limitando as opções de tratamento.

**Objetivo:** Para determinar os principais uropatógenos resistentes à fosfomicina e seus padrões moleculares, avaliamos isolados de uroculturas de pacientes atendidos nas UBS.

**Método:** Os dados foram obtidos de janeiro/2021 a dezembro/2022. A identificação bacteriana foi feita por MALDI-TOF. Os testes de suscetibilidade foram realizados conforme BrCAST. A detecção de carbapenemases foi feita por teste imunocromatográfico. PCR do gene *fosA* e sequenciamento do genoma completo (WGS) com plataforma Ion Torrent foram realizados para isolados resistentes à fosfomicina. Os participantes preencheram um questionário e os resultados foram analisados por EPINFO.

**Resultados:** Foram realizadas 56.549 uroculturas em 2021 e 50.544 em 2022 nas 34 UBS. A resistência à fosfomicina foi observada em 1,1% dos isolados em 2021 e em 1,12% em 2022 (total de 158 isolados). Em 2021, 38,75% (31/80) de *K. pneumoniae* eram resistentes à fosfomicina, seguida por *E. coli* (30%; 24/80). Em 2022, *E. coli* foi identificada em 75,6% (59/78) seguida por *K. pneumoniae* (19,2%; 15/78). A PCR convencional do gene *fosA* foi positiva em 42,4%. Os valores de CIM variaram de 0,5 a > 256 µg/mL e 83,8% desses isolados apresentaram CIM ≥ 8 µg/mL para fosfomicina. A resistência à fosfomicina apresentou CIM50 de 64 µg/mL e CIM90 > 256 µg/mL. Um total de 16 isolados de Enterobacterales foram resistentes a 3 carbapenêmicos testados, e 75% foram positivos para KPC e 15% para ESBL. De 56 pacientes que responderam ao questionário, 26,8% relataram ITU de repetição, 30,4% mencionaram internação prévia e 48,2% usaram antimicrobianos nos últimos 6 meses. De acordo com dados obtidos pelo WGS de 94 isolados, 47,9% foram identificados como *K. pneumoniae* e 40,4% *E. coli*. O gene *fosA* foi encontrado em 36,7% (58/158), sendo 60,4% *fosA6* e 17,2% *fosA8*. Outros genes de resistência à fosfomicina foram detectados (SNPs de *glpT* 30,9%; *uhpT* 52,1%; *mdtG* 29,8% e *cyxA* 5,3%). O gene *blaKPC-2* foi detectado 10,6% de *K. pneumoniae*.

**Conclusão:** *E. coli* é o uropatógeno mais frequente, porém sua resistência à fosfomicina ainda é baixa. Isolados de *K. pneumoniae* apresentaram resistência aos carbapenêmicos e à fosfomicina, mostrando que tal resistência pode ser detectada em isolados comunitários. O perfil molecular mostrou que estes isolados podem carregar diferentes genes de resistência, incluindo os genes *fosA* e *blaKPC-2*.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2024.104221>