Acesso Aberto
Open Access

Caracterização genética e perfil de sensibilidade antimicrobiana de cepas multirresistentes de *Acinetobacter baumannii* presentes em um hospital de ensino

Genetic characterization and antimicrobial susceptibility of multi-resistant *Acinetobacter baumannii* strains present in a teaching hospital

RIALA6/1745

Tavares LCB. **Caracterização genética e perfil de sensibilidade antimicrobiana de cepas multirresistentes de *Acinetobacter baumannii* presentes em um hospital de ensino.** São Paulo. 2018. [Dissertação de Mestrado, Programa de Pós-Graduação Doenças Infecciosas e Parasitárias, Faculdade de Medicina, Universidade de São Paulo, USP]. Orientador: Carlos Henrique Camargo.

As espécies do Complexo *Acinetobacter calcoaceticus-A. baumannii* (ACB) são importantes causadoras de Infecções Relacionadas à Assistência à Saúde em todo o mundo. Detêm maior relevância os isolados com resistência aos antimicrobianos, os quais impactam negativamente no prognóstico, na mortalidade e custos associados ao cuidado com o paciente. O objetivo deste estudo foi avaliar a diversidade genética e o perfil de susceptibilidade antimicrobiana de 134 isolados multirresistentes de *A. baumannii* presentes no Hospital das Clínicas da Faculdade de Medicina de Botucatu, entre 2007 e 2014. A identificação de *A. baumannii* deu-se pela pesquisa dos genes $bla_{\text{OXA-51-like}}$ e *glt*A, detectados em 85% (n=114) dos isolados. Os isolados de *Acinetobacter* não-*baumannii* foram identificados por sequenciamento gênico como *A. nosocomialis* (n=4; 3,1%), *A. pittii*, *A. bereziniae* (n=2; 1,7%, cada), *A. ursingii*, *A. variabilis*, *A. gyllenbergii* (n=1; 0,9% cada) e *Acinetobacter* spp. (n=2; 1,7%). Os isolados de *A. baumannii* foram submetidos às técnicas de PCR multiplex para detecção de outras oxacilinases, pesquisa de IS*Aba1*, teste de susceptibilidade antimicrobiana, tipagem molecular por eletroforese em campo pulsado (PFGE), por sequência trilocus (3LST) e por sequenciamento multilocus (MLST). Detectou-se o gene $bla_{\text{OXA-23-like}}$ em 105 isolados (92,1%), estando 100% associados a IS*Aba1*; $bla_{\text{OXA-72}}$ em um isolado (0,9%) e $bla_{\text{OXA-231}}$ em dois isolados (1,7%). A maior parte (n=66; 57,9%) dos isolados foi classificada como extensivamente resistentes (XDR). O PFGE agrupou os isolados em 11 clusters (A-K) e o MLST identificou os isolados pertencentes majoritariamente aos clones CC79 (42,4%), CC1 (16,6%), CC15 (12,1%) e ao ST317 (18,2%). Os resultados do MLST e 3LST concordaram em 95,6%. Foi verificada a ocorrência de diferentes perfis de PFGE em *A. baumannii* MDR e XDR, predominando cepas carreadoras de IS*Aba1*/$_{\text{OXA-23-like}}$ e pertencentes aos CC1, CC15, CC79, ST317. Predominaram o ST317 nos anos iniciais e o CC79 (ST730) de 2011 a 2014. Estes resultados fornecem subsídios que ressaltam a necessidade de monitoramento e controle de patógenos multirresistentes.

Palavras-chave. *Acinetobacter baumannii*, Infecções Relacionadas à Assistência a Saúde, resistência antimicrobiana, oxacilinases, Complexos Clonais, 3LST.

AGRADECIMENTOS

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (Processo nº 2015/13179-4), pelo auxílio financeiro, e ao Instituto Adolfo Lutz, pela parceria no projeto.

Dissertação disponível em: http://www.teses.usp.br

E-mail: laiscb.tavares@usp.br