

Determinação da presença de genes de resistência antimicrobiana em isolados de *Acinetobacter baumannii* provenientes de superfícies de Unidades de Terapia Intensiva

Igor V. Rocha¹; Karoline R. H. Almeida²; Natally S. Silva²; Isabelle D. L. Farias³; Sibeles R. Oliveira⁴; Danilo E. Xavier⁵; Nilma C. Leal⁵

¹Programa de Pós-Graduação em Biociências e Biotecnologia em Saúde - Centro de Pesquisas Aggeu Magalhães/Fundação Oswaldo Cruz (CPqAM/Fiocruz-PE). Av. Prof. Moraes Rego, s/n, 50740-465 Recife, PE, Brasil. E-mail: igor.rocha@cpqam.fiocruz.br. ²Discente do curso de Biomedicina - Associação Caruaruense de Ensino Superior e Técnico (Faculdade ASCES). Av. Portugal, 584, 55016-400 Caruaru, PE, Brasil. ³Discente do curso de Biomedicina – Universidade Federal de Pernambuco (UFPE). Av. Prof. Moraes Rego, s/n, 50740-465 Recife, PE, Brasil. ⁴Docente da Faculdade ASCES. Av. Portugal, 584, 55016-400 Caruaru, PE, Brasil. ⁵Pesquisador em Saúde Pública – Centro de Pesquisas Aggeu Magalhães, 50740-465 Recife, PE, Brasil.

As Infecções Relacionadas à Assistência à Saúde (IRAS) são responsáveis por milhares de mortes em todo o mundo. No Brasil, este problema vem crescendo ao longo dos anos, apresentando altos índices de morbidade e mortalidade. Em Unidades de Terapia Intensiva (UTI), bactérias em superfícies inanimadas são comuns, possibilitando a colonização e infecção de pacientes, dificultando o prognóstico e favorecendo surtos de IRAS, sobretudo quando causadas por microrganismos resistentes a antibióticos. O objetivo do estudo foi determinar a presença de genes relacionados à resistência antimicrobiana em isolados de *A. baumannii* oriundos de cinco superfícies dos leitos que compõem a UTI de um hospital de Pernambuco, sendo empregada técnicas de Reação em Cadeia da Polimerase e sequenciamento genético. A identificação dos isolados ocorreu pelo *Matrix-Assisted Laser Desorption Ionization – Time of Flight* (MALDI-TOF). Os genes pesquisados incluíram o *blaOXA-23-like*, *-24-like*, *-51-like*, *-58-like*, *-143-like* (codificadores de oxacilinases), *IMP* (codificador de imipenemase) e *NDM* (*New Delhi Metallo-β-lactamase*). Foi isolado um total de 67 bactérias, sendo 17 (25.4%) correspondentes à espécie *A. baumannii*. As grades esquerda e direita das camas foram as superfícies com o maior número de isolados (7.5 e 6% do total respectivamente), seguidos pela prateleira (4.5%), manivelas da cama e botões da bomba de infusão (3% do total cada). A presença de *blaOXA-23-like*, *blaOXA-24-like* e *blaOXA-143-like* foi detectada em 9 (13.5%) dos isolados, sendo a maioria dos microrganismos carreadores presentes nas grades e manivelas. A presença de *blaOXA-51-like* foi identificada em 100% dos isolados para a espécie, enquanto que os genes *blaOXA-58*, *blaIMP* e *blaNDM* não foram evidenciados em nenhuma cepa de *A. baumannii*. A presença de genes de resistência em isolados provenientes de superfícies hospitalares reforça a importância que o ambiente desempenha como reservatório de microrganismos clinicamente relevantes.

Palavras-chave: Infecção hospitalar, genética bacteriana, resistência bacteriana.

Apoio: Centro de Pesquisas Aggeu Magalhães/Fiocruz-PE; Faculdade ASCES.