Trabalho apresentado no 18º CBCENF

Título: IDENTIFICAÇÃO DE GENES EM ACINETOBACTER BAUMANNII RESISTENTE AOS CARBAPENÊMICOS EM UM HOSPITAL PÚBLICO

Relatoria: FERNANDA LAYS SOUZA GOES SANTOS

Autores: Tânia Maria de Andrade Rodrigues
Sona Arun Jain
Iza Maria Fraga Lobo
Roberto Vivas da Silveira

Modalidade: Comunicação coordenada

Área: Gestão, tecnologias e cuidado

Tipo: Pesquisa

Resumo:

Introdução: Nos últimos anos houve aumento no número de microrganismos multirresistentes aos antibióticos, principalmente os gram-negativos como Acinetobacter baumannii. As altas taxas de infecção causada por esses microrganismos são responsáveis pela elevada mortalidade, falência da terapia medicamentosa, aumento do período de internação e consequentemente impacto financeiro no sistema de saúde. Os carbapenêmicos configuram a principal escolha no tratamento de microrganismo multirresistentes, no entanto, o surgimento de cepas resistentes a estes antibióticos torna o cenário um problema de saúde pública e a instituição do tratamento um desafio. Dentre os mecanismos de resistência está a produção de enzimas carbapenemases e oxacilinases codificadas por genes presentes nas bactérias. Objetivo: Identificar genes de resistência em Acinetobacter baumannii resistente aos carbapenêmicos através da técnica de reação em cadeia da polimerase (PCR). Metodologia: Trata-se de um estudo prospectivo, quantitativo, desenvolvido junto às cepas de Acinetobacter baumannii resistentes aos carbapenêmicos isoladas dos pacientes da UTI do Hospital de Urgência de Sergipe (HUSE). O projeto foi aprovado pelo Comitê de ética em pesquisa da Universidade Federal de Sergipe. O microrganismo de interesse foi fornecido pelo hospital e após confirmação da resistência aos carbapenêmicos, através do equipamento Vitek 2 compact e Etest®, foram submetidos à técnica multiplex PCR para identificação dos genes OXA-51, 23, 24 e 58 e IMP, VIM e SIM. Resultados: A amostra foi composta por 10 pacientes, a maioria 80% (8) do sexo masculino, idade entre 4 meses e 69 anos. Cinco (50%) eram procedentes da unidade intermediária do HUSE. O sítio mais frequente de isolamento do microrganismo foi o aspirado traqueal com 50% (5), seis (60%) pacientes faziam uso de cinco dispositivos invasivos concomitantemente, com maior tempo de permanência para o traqueóstomo (84,7 dias). Os antimicrobianos mais utilizados foram a vancomicina (70%), seguido do meropenem (50%) e 100% dos microrganismos apresentaram sensibilidade à colistina. Quanto aos genes de resistência sete amostras (70%) apresentaram os genes OXA-51 e OXA-23 simultaneamente e 30% apenas o OXA-51. Conclusão: Todos os microrganismos apresentaram gene de resistência do tipo OXA, confirmando a presença desse gene no HUSE. Trata-se de um estudo relevante, pois não há dados na literatura acerca dos genes de resistência circulantes no Estado de Sergipe.