



<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2015: SIC - XXVII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2015
<b>Local</b>	Porto Alegre - RS
<b>Título</b>	Detecção e caracterização de enterobacteriaceae produtoras de oxa-370 no rio grande do sul
<b>Autor</b>	TATIANE CRISTINA SOLDI
<b>Orientador</b>	ALEXANDRE PREHN ZAVASCKI

## Detecção e caracterização de *Enterobacteriaceae* produtoras de OXA-370 no Rio Grande do Sul

Tatiane Soldi<sup>1</sup>, Alexandre Prehn Zavascki<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Faculdade de Farmácia - Universidade Federal do Rio Grande do Sul

<sup>2</sup>Faculdade de Medicina- UFRGS

Espécies da família *Enterobacteriaceae* produtoras de carbapenemases são frequentemente associadas como causadoras de infecções nosocomiais. Entre os principais tipos de carbapenemases identificados em *Enterobacteriaceae*, a OXA-48 e suas variantes tem recebido importante destaque, representando um problema de saúde pública em alguns países. O objetivo deste estudo foi detectar isolados produtores de OXA-370, uma variante de OXA-48 recentemente identificada por nosso grupo no Brasil. Foram avaliados isolados bacterianos não sensíveis a pelo menos um carbapenêmico (ertapenem, imipenem e/ou meropenem), obtidos de 28 hospitais de 14 cidades do Rio Grande do Sul no período de abril/2013 a abril/2014. Os isolados foram submetidos a PCR multiplex em tempo real para detecção dos genes *bla<sub>NDM</sub>*, *bla<sub>KPC</sub>*, *bla<sub>VIM</sub>*, *bla<sub>GES</sub>*, *bla<sub>IMP</sub>* e *bla<sub>OXA-48-like</sub>*. Isolados positivos para *bla<sub>OXA-48-like</sub>* foram submetidos a PCR simples para confirmação da presença do gene e o produto foi purificado e sequenciado. GenBank foi utilizado para acessar a sequência do gene *bla<sub>OXA-370</sub>* e de outras variantes do gene *bla<sub>OXA-48</sub>* depositados. BioEdit foi utilizado para comparar a semelhança entre as sequências. A relação clonal entre os isolados foi avaliada por macrorestrição de DNA seguida de PFGE. Um total de 4631 isolados de *Enterobacteriaceae* foram avaliados e 75 (1,6%) foram positivos para *bla<sub>OXA-48-like</sub>*. O sequenciamento parcial do gene foi realizado em 34 isolados (18 *Klebsiella pneumoniae*; 11 *Enterobacter cloacae*; 3 *Escherichia coli*; 1 *Citrobacter freundii*; 1 *Klebsiella oxytoca*) e todas as sequências analisadas apresentaram 100% de similaridade com *bla<sub>OXA-370</sub>*. Vinte e sete isolados foram recuperados a partir de swabs retais de vigilância e sete foram obtidos a partir de material clínico (urina [1], aspirado traqueal [1] e o fluido abdominal [5]). Todos os isolados apresentaram perfil de resistência a piperacilina/tazobactam e amoxicilina/clavulanato, e susceptibilidade variável aos carbapenêmicos, cefalosporinas e aztreonam. A tipagem molecular dessas amostras revelou a presença de quatro clones distintos entre os isolados de *K. pneumoniae*; três clones em *E. cloacae*, e dois clones de *E. coli*. A exceção do isolado de *C. freundii*, as amostras positivas para OXA-370 foram provenientes de um único hospital terciário localizado na cidade de Porto Alegre. Este estudo relata a disseminação da nova carbapenemase, OXA-370, em *Enterobacteriaceae* de hospitais de Porto Alegre. Os resultados obtidos até o momento demonstram que o gene *bla<sub>OXA-370</sub>* está presente em diferentes espécies de enterobactérias e perfis clonais distintos, sugerindo que a disseminação deste mecanismo pode ocorrer por transferência interespecie e interclones do gene, bem como por disseminação horizontal de mesmo clone bacteriano.