

Boletim Informativo

RESISTÊNCIA MICROBIANA



Edição nº 1/2022



Estado da Bahia

SECRETARIA
DA SAÚDE

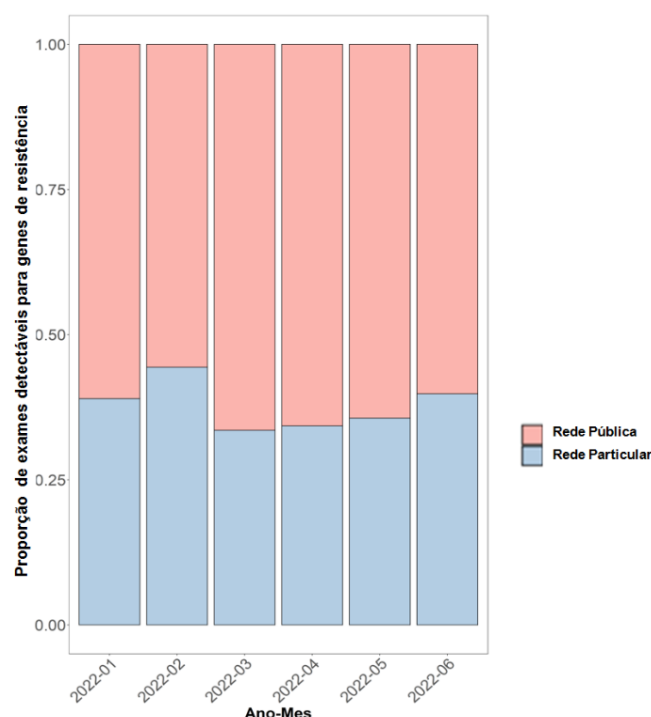
Relatório dos resultados referente ao exame de PCR Real time para investigação de genes microbianos realizados no Laboratório Central de Saúde Pública Profº Gonçalo Moniz – LACEN/BA

Vigilância Laboratorial

Este Boletim epidemiológico trata-se de um relatório semestral que tem como finalidade apresentar os dados referentes as análises genotípicas dos isolados bacterianos, analisados através das metodologias de PCR real time (Taqman) e PCR "*in house*" para investigação de genes microbianos de resistência realizados pelo Laboratório Central de Saúde Pública Profº Gonçalo Moniz-LACEN/Ba e Laboratórios de Referência Nacional no período de janeiro a junho de 2022.

A criação do programa BR-GLASS– Programa Nacional de Monitoramento da Resistência Antimicrobiana no Brasil, buscou desenvolver um sistema nacional de informação integrada para a vigilância e monitoramento da resistência aos antimicrobianos, visando avaliar o perfil de sensibilidade de todos os isolados de origem nosocomial e/ou comunitária. A implementação do programa permite então uma vigilância integrada com a abordagem em saúde única, e possibilita aplicar o monitoramento dessas informações a partir dos dados gerados pelos exames realizados, bem como traçar um perfil molecular dos isolados no estado da Bahia. Os registros dos casos de resistência a partir das instituições solicitantes para o LACEN/BA são predominantemente de origem da rede pública de saúde, como evidenciado na figura 1.

Figura 1. Origem das Instituições solicitantes dos exames moleculares detectáveis para genes associados à resistência bacteriana.



Durante o período que abrange esse relatório, um total de **3.138 exames** foram realizados. As amostras respondem a suspeitas ou confirmação da possível resistência genética bacteriana à antimicrobianos. Atualmente o LACEN/BA nos testes moleculares, atende a investigação de 5 genes associados a resistência microbiana (RM): *bla* *OXA-23*, *bla* *KPC*, *bla* *NDM*, *VanA* e *VanB*. Adicionalmente, investigações são realizadas nos laboratórios de referência (Fundação Oswaldo Cruz - Fiocruz do Rio de Janeiro e LACEN-Paraná) para mais outros 8 genes: *MCR-1*, *bla* *IMP*, *bla* *VIM*, *bla* *SPM*, *bla* *OXA-51*, *bla* *OXA-58*, *bla* *OXA-143* e *mec A*. Dos 13 genes analisados, identificamos a presença de 10 genes microbianos associados a RM nas cepas que circulam no território baiano no primeiro semestre deste ano. Apenas não foram detectados os genes *VanB* e *MCR-1* nos isolados em questão (Figura 2).

Entre as cepas identificadas, no mês de janeiro, observou-se a presença de genes de RM predominantemente em cepas de *Pseudomonas aeruginosa*. Após este mês, cepas de *Klebsiella pneumoniae* se destacaram dentro do perfil de resistência do estado, e em todos os meses descritos neste relatório, cepas de *Acinetobacter baumannii* se apresentaram como a terceira causa mais frequente (Figura 3).

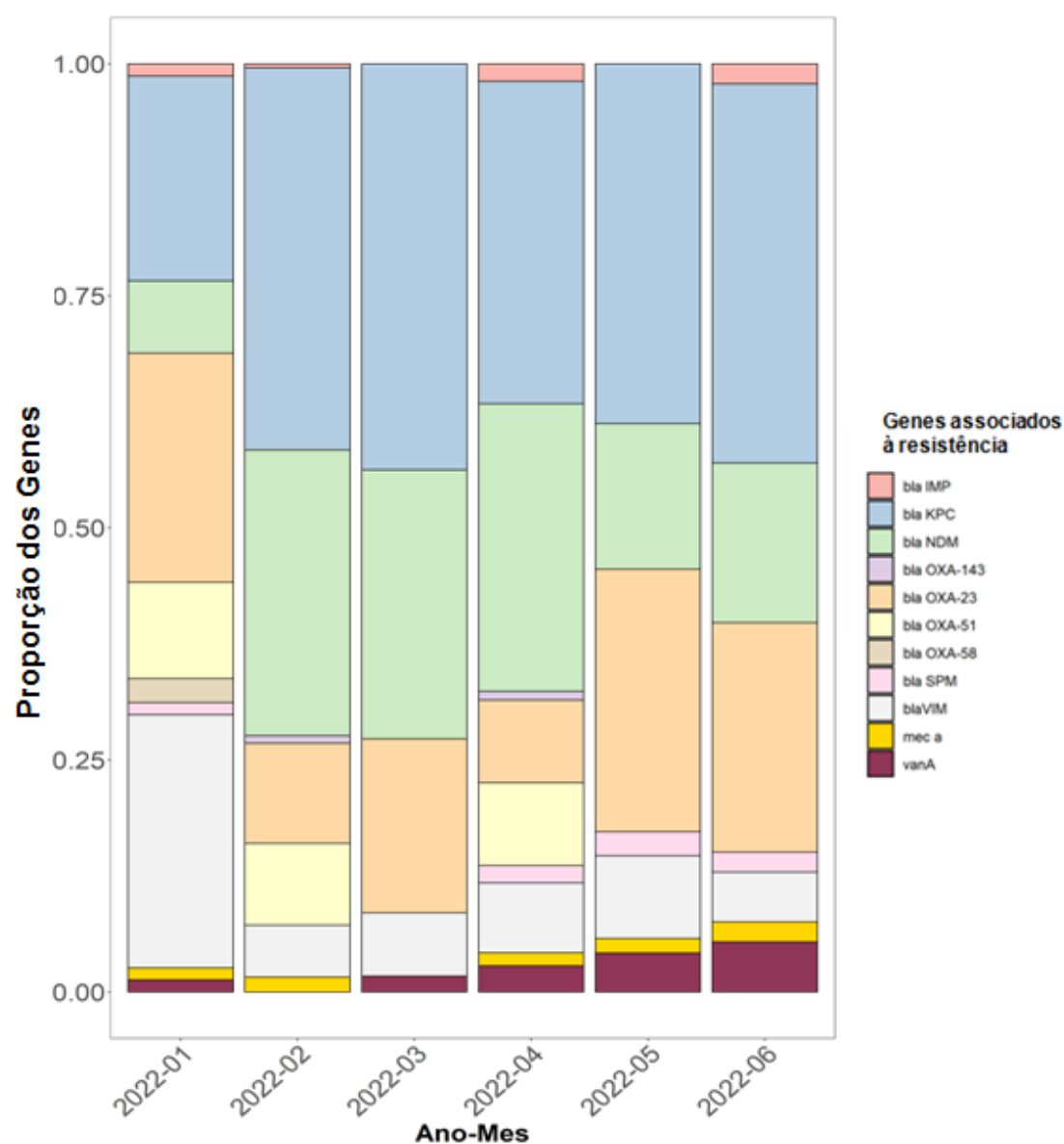
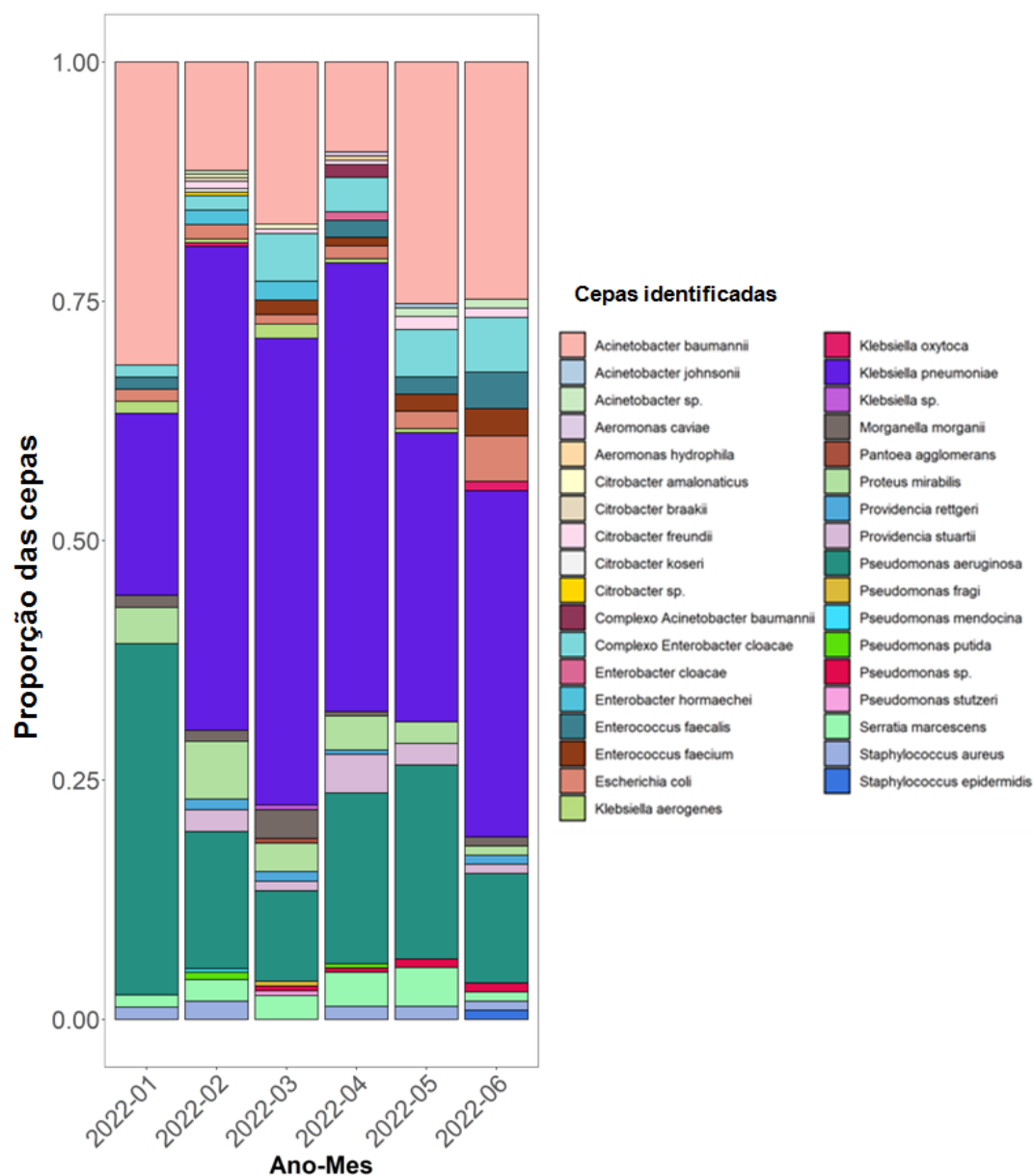
Figura 2. Genes associados à resistência a antimicrobianos circulantes no território baiano.

Figura 3. Cepas bacterianas com presença de genes de resistência a antimicrobianos circulantes no território baiano.

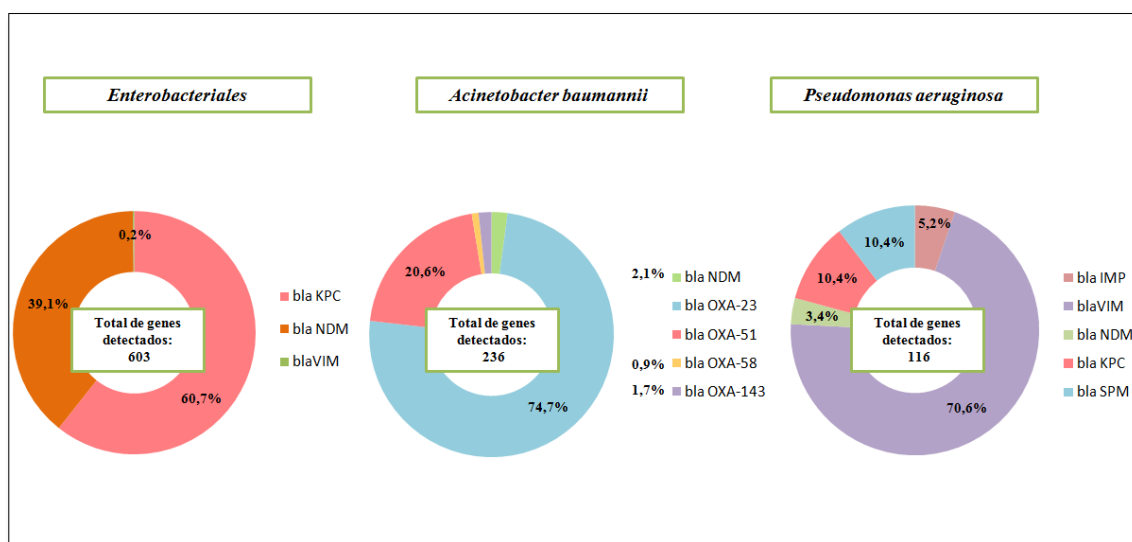


Analisando o perfil de resistência genética das principais cepas circulantes no estado, foi observado como possível mecanismo de resistência, a presença principalmente de genes produtores de carbapenemases: bla_{KPC}, bla_{NDM}, bla_{OXA} e bla_{VIM} (Figura 4). A resistência aos antibióticos em *Klebsiella pneumoniae* produtora de carbapenemases é adquirida e disseminada principalmente por plasmídeos conjugativos e transposons. Desde a detecção em 2008 em Nova Deli, Índia, as cepas produtoras de metalo-beta-lactamase-1 de Nova Deli (NDM-1) têm sido relatada em muitos países, incluindo o Brasil. Este gene apresenta-se com potencial crescimento no território baiano. Os altos

índices de resistência por bactérias produtoras de carbapenemases pertencentes a ordem Enterobacterales, corrobora com o alerta publicado pelo Departamento de Saúde e Serviços Humanos dos EUA-CDC em 2013, que as afirmam como uma ameaça global (OLIVEIRA, ET AL. 2020).

Os genes *bla*_{OXA-23} e *bla*_{OXA-51} codificam as carbapenemases do tipo OXA mais comuns, que contribuem para a resistência aos antimicrobianos Imipenem e Meropenem para isolados de *A. baumannii* e que são endêmicos em vários estados brasileiros (SCHUERTZ, 2018). MP, VIM, SPM e KPC são os principais genes codificadores de carbapenemase descritos em isolados clínicos de *P. aeruginosa* (COSTA-JUNIOR 2021). É possível relatar que o perfil epidemiológico molecular de resistência bacteriana a β -lactâmicos entre cepas de *P. aeruginosa* investigadas no estado se caracterizam como portadoras principalmente do gene *bla*_{VIM} (Figura 4).

Figura 4. Perfil de resistência genética das principais cepas bacterianas circulantes no estado da Bahia.



Diante deste cenário epidemiológico é importante ressaltar a necessidade do acompanhamento dos casos de resistência microbiana aos antimicrobianos, já que a RM é um grave problema mundial e de saúde pública. A RM já foi associada ao aumento do tempo de internação, altas taxas de mortalidade de pacientes internados, bem como ao aumento nos custos do tratamento. E apesar de forma natural (geralmente por meio de alterações genéticas), alguns outros fatores potencializam e aceleram esse processo, como é o caso do uso indevido e excessivo de antimicrobianos. Desta forma, a investigação molecular auxiliará no direcionamento do tratamento

para que o mesmo ocorra de forma mais segura e eficaz. Além de permitir o entendimento do perfil genético de RM que existe no território baiano.

REFERÊNCIAS

Agência Nacional de Vigilância Sanitária. Microbiologia Clínica para o Controle de Infecção Relacionada à Assistência à Saúde. Módulo 10 – Detecção dos Principais Mecanismos de Resistência Bacteriana aos Antimicrobianos pelo Laboratório de Microbiologia Clínica/Agência Nacional de Vigilância Sanitária – Brasília: Anvisa. 160p.: il.10 volumes, 2020.

COSTA-JUNIOR, S. D.; DA SILVA, A. M. C. M.; · PEREIRA, J. N. P.; ET AL. Emergence of rmtD1 gene in clinical isolates of *Pseudomonas aeruginosa* carrying blaKPC and/or blaVIM-2 genes in Brazil. *Brazilian Journal of Microbiology* (2021) 52:1959–1965, 2021.

OLIVEIRA, E.M.; BELTRÃO, E.M.B.; SCAVUZZI, A. M. L. ET AL. High plasmid variability, and the presence of IncFIB, IncQ, IncA/C, IncHI1B, and IncL/M in clinical isolates of *Klebsiella pneumoniae* with bla_{KPC} and bla_{NDM} from patients at a public hospital in Brazil. *Rev. Soc. Bras. Med. Trop.* 53 • 2020 • <https://doi.org/10.1590/0037-8682-0397-2020>, 2020.

SCHUERTZ, K.F.; TUON, F.F.; PALMEIRO, J.K.; ET AL. *Bacteremia e meningite causadas por Acinetobacter baumannii* produtor de OXA-23 - caracterização molecular e teste de sensibilidade para antibiótico alternativos. *Braz J Microbiol.*49(s1):199-204, 2018.

SILVA, K. C.; LINCOPAN, N. Epidemiology of extended-spectrum beta-lactamases in Brazil: clinical impact and implications for agribusiness. *Medicina Laboratorial • J. Bras. Patol. Med. Lab.* 48 (2) • Abr, 2012.

Editorial Boletim Informativo LACEN/BA – EDIÇÃO 01 – 17.10.2022

Superintendência de Vigilância e Proteção da Saúde (SUVISA)

Rívia Barros

Laboratório Central de Saúde Pública Profº Gonçalo Moniz (LACEN/BA)

Arabela Leal e Silva de Mello

Coordenação de Laboratórios de Vigilância Epidemiológica (CLAVEP)

Coordenadora Técnica:

Felicidade Mota Pereira

Equipe Técnica:

Eliana Fonseca Souza da Silva

Fabio Santos Ferreira

Jéssica Laís Almeida dos Santos

Laise Carvalho Ribeiro

Neide Oliveira Silva

Análise dos dados e elaboração:

Felicidade Mota Pereira

Jéssica Laís Almeida dos Santos

Edição:

Mariana Nossa