

# PERFIL GENÔMICO DE PSEUDOMONAS AERUGINOSA MULTIDROGA RESISTENTES ISOLADAS DE PACIENTES COM DIAGNÓSTICO DE INFECÇÃO NOSOCOMIAL NUM HOSPITAL DE ENSINO EM SOBRAL, CEARÁ

Stephanie de Almeida, Ludimila Gomes Pinheiro, José Edson Rocha Junior, Marina Rodrigues Silva, Francisco Cesar Barroso Barbosa

*Pseudomonas aeruginosa* é uma bactéria gram-negativa, comumente envolvida em infecções hospitalares e pode ser considerada um patógeno oportunista. Esse microrganismo tem sido associado principalmente a infecções do trato urinário, respiratório e gastrintestinal, além infecções ósseas e sistêmicas, sobretudo em indivíduos imunossuprimidos. O surgimento de espécimes multirresistentes tem sido atribuído a sua capacidade de adquirir resistência a quase todas as classes de antibióticos, o que facilita a sua disseminação no ambiente hospitalar e contribui para altas taxas de mortalidade. O objetivo deste estudo foi pesquisar o perfil de resistência antimicrobiana e a frequência dos genes *bla*TEM, *bla*SHV, *bla*CTX-M e *bla*IMP em isolados nosocomiais de *P. aeruginosa*. Durante o período de Janeiro a Julho de 2019 foram coletados 24 espécimes de *P. aeruginosa* isolados de pacientes internados na Santa Casa de Misericórdia de Sobral - CE, com diagnóstico de infecção hospitalar. A identificação e o perfil de sensibilidade dos isolados foram realizados pelo sistema automatizado VITEK®2. A pesquisa dos genes de resistência foi realizada por PCR. Os isolados apontaram altas taxas de resistência à Ceftriaxona (80%), Tigeciclina (80%), Cefoxitina (80%) e Cefuroxima Axetil (73,3%); tendo sido observado menores taxas de resistência para carbapenêmicos, como Imipenem (40%) e Meropenem (33,3%), assim como para as cefalosporinas, Cefepima (33,3%) e Cefuroxima (33,3%). Por outro lado, todos os isolados foram sensíveis à Colistina. Na análise molecular, 58,3% dos espécimes apresentaram o gene *bla*CTX-M-1/2, 20,8% o gene *bla*SHV e 4,16% apresentaram o gene *bla*TEM e o *bla*IMP, fato este relevante uma vez que o gene *bla*IMP é apontado pela literatura como raro no Brasil. Portanto, esses dados chamam a atenção para um problema de resistência endêmica, que pode ser atribuído ao uso indiscriminado de antibióticos, cujo controle deve passar pelo aprimoramento das políticas de prescrição de antimicrobianos.

Palavras-chave: Diversidade genômica, Multidroga resistente, Infecção hospitalar, CTX-M, *Pseudomonas aeruginosa*.