CARACTERÍSTICAS MOLECULARES E PERFIL DE RESISTÊNCIA DE STAPHYLOCOCCUS AUREUS RESISTENTES A METICILINA ISOLADOS EM PACIENTES ATENDIDOS EM UM HOSPITAL PÚBLICO NA CIDADE DE DOURADOS/MS

Murilo De Assis Postaue (murilo.postaue@hotmail.com)
Carolina Rangel De Lima Santos (carolina_nursing@hotmail.com)
Iara Beatriz Andrade Sousa (iarabeatriz.and@gmail.com)
Isabella Da Cruz Franco (isabellacf.isa@gmail.br)
Silvana Marchioro Beutinger (silvanamarchioro@ufgd.edu.br)

O microrganismo gram-positivo Staphylococcus aureus pertence a microbiota normal do ser humano, mas possui características oportunistas, causando infecções em pacientes imunologicamente comprometidos e institucionalizados, sendo hoje um dos microrganismos mais relacionados a infecções hospitalares. Este quadro apenas se agravou com o uso irracional de antibióticos dando origem à cepas Sthaphylococcus aureus resistente a meticilina (MRSA), as quais culminam com o aumento da morbimortalidade, prolongamento do tempo de internação, custos elevados e ameaça constante de disseminação. Este trabalho teve como objetivo a caracterização molecular e perfil de resistência de MRSA isolados de pacientes atendidos em um Hospital público da cidade de Dourados/MS. As amostras foram coletadas de agosto de 2016 a agosto de 2017, e foram analisadas por sistemas automatizados do hospital quanto a susceptibilidade a antimicrobianos e identificação preliminar da espécie bacteriana. Apenas as cepas que apresentaram perfil de resistência a oxacilina foram selecionadas para este estudo. Todas as análises posteriores foram efetuadas no Laboratório de Ciências da Saúde da Universidade Federal da Grande Dourados. As provas fenotípicas de catalase e coagulase foram efetuadas para a confirmação da espécie bacteriana das amostras. Posteriormente as amostras de Sthaphylococcus aureus tiveram seu DNA extraído, para avaliar o perfil genético por meio da Reação em Cadeia de Polimerase (PCR). Na PCR as amostras foram analisadas quanto a presença do gene mecA para a confirmação da resistência a meticilina, femA para a resistência a beta-lactâmicos, virulência pelo gene pvl, SCCmec I a V para o tipo de cassete gênico responsável pela resistência a meticilina e nucA quanto a confirmação da espécie. O resultado da PCR foi revelado pela análise de eletroforese em gel de agarose. De 30 amostras analisadas, 66% possuem resistência à pelo menos três classes de antimicrobianos e são considerados multirresistentes. Das amostras, 100% apresentaram a presença dos genes mecA e nucA, sendo MRSA positivos; 60% amplificaram o gene pvl, podendo indicar que estes provem da comunidade; 53,3% demonstraram o gene femA, forte indicativo de resistência à beta-lactâmicos; e 33%, 0%, 3%, 43,3% e 13,3% apresentaram respectivamente os genes SCCmec de I a V, sendo que 6,6% não apresentaram à amplificação de nenhum deles, demonstrando um cassete gênico diferente dos cinco estudados. Os resultados deste estudo indicam a circulação de cepas de MRSA com características moleculares distintas e poderá auxiliar no desenvolvimento de estratégias mais eficazes para o controle de infecções hospitalares bem como na conscientização sobre o uso racional de antimicrobianos.