

RESUMO PARA LEIGOS

Yan Rodrigues de Oliveira Moura Batista

Linhagens de *Staphylococcus aureus* Resistentes à Meticilina Envolvidas em Infecções na Corrente Sanguínea em Pacientes Internados em Hospitais do Grande Rio e Região Serrana, no Período de 2016 a 2018

Orientador: **Leonardo Rocchetto Coelho**; Coorientador: **Bernadete Teixeira Ferreira Carvalho**

Resumo para leigos da Monografia apresentada no Instituto de Microbiologia Paulo de Góes da Universidade Federal do Rio de Janeiro, como parte dos requisitos necessários para obtenção do título de Bacharel em Ciências Biológicas: Microbiologia e Imunologia e aprovação no RCS Trabalho de Conclusão de Curso.

Staphylococcus aureus (*S. aureus*) é uma bactéria comumente presente em determinadas partes do corpo humano e, normalmente, não causa doenças em indivíduos saudáveis. Entretanto, devido ao intenso uso de antibióticos, principalmente em hospitais, essa bactéria se tornou resistente aos mesmos, incluindo ao antibiótico metilina. *S. aureus* que são resistentes à metilina são conhecidos como MRSA. MRSA é frequentemente detectada em hospitais e pode apresentar resistência não apenas à metilina, mas a vários antibióticos. MRSA é um dos principais agentes de infecções em hospitais, principalmente, em pacientes mais debilitados, como aqueles internados em unidades de terapia intensiva (UTI). Nos hospitais essa bactéria pode causar infecções muito graves, como as infecções na corrente sanguínea. Amostras de MRSA podem se diferenciar uma das outras em várias características e, por isso, são classificadas em diferentes linhagens. Além disso, dentro de uma mesma linhagem pode haver diferenças importantes, e o conjunto de uma célula diferente com seus descendentes é chamado de clone. Com base nesse conhecimento, várias técnicas foram desenvolvidas para permitir a identificação de linhagens e de clones de MRSA que circulam pelos hospitais. Identificar tais linhagens é importante, uma vez que microrganismos de uma mesma linhagem ou clone apresentam, geralmente, resistência aos mesmos tipos antibióticos, e ao conhecer esses padrões de resistência, os médicos poderão aplicar o antibiótico mais eficaz para tratar seus pacientes. Neste estudo nós utilizamos duas técnicas envolvendo análises de DNA, as quais permitem a classificação de MRSA em linhagens, visando caracterizar amostras obtidas de pacientes com infecção na corrente sanguínea, no Grande Rio e Região Serrana, de 2016 a 2018. Nossos resultados mostram que uma certa linhagem de MRSA (classificada como CC5-SCC*meclI*) foi a mais isolada de infecção na corrente sanguínea, na grande maioria dos 23 hospitais do Grande Rio e Região Serrana, a ponto de corresponder a 78,4% das amostras estudadas; ou seja, de cada 100 pacientes com infecção na corrente sanguínea em cerca de 78 esta será causada pela linhagem de MRSA denominada CC5-SCC*meclI*. Esse resultado é preocupante porque essa linhagem de MRSA predominante apresenta, com muita frequência, resistência a vários antibióticos, o que pode ser um fator negativo para o sucesso do tratamento do paciente. Finalmente, mais estudos são necessários para descobrir se as infecções por MRSA dessa linhagem seriam mais graves que as causadas por outras linhagens de MRSA; ou seja, se a linhagem CC5-SCC*meclI* estaria provocando um maior número de mortes nos hospitais. Além disso, pretendemos investigar o porquê

desse MRSA, CC5-SCC*meclI*, causar mais infecções na corrente sanguínea em comparação a outras linhagens de MRSA que são muito semelhantes à CC5-SCC*meclI*, mas que são muito menos comuns em infecção na corrente sanguínea. Estudos como este são importantes para o controle e tratamento de infecções nos hospitais, de modo que ocorram menos mortes por essas doenças em nossos hospitais.

Palavras-chave: MRSA, complexo clonal, MLST, testes RM, infecções na corrente sanguínea