

Pesquisa (PESQ - 792)

Responsável

Andrea Von Groll

Unidades Envolvidas

FaMed - Faculdade de Medicina

Título

Resistência bacteriana em infecções do trato urinário: comparação entre a adquirida na comunidade e a no ambiente hospitalar

Resumo

As infecções do trato urinário (ITU) estão entre as mais frequentes causas de consulta médica e infecção nosocomial, levando ao prolongamento da internação hospitalar e, conseqüentemente, um elevado custo à saúde pública. Os principais agentes causadores das ITU são bactérias Gram negativas, sendo a *Escherichia coli* a responsável por 85% das ITU transmitidas na comunidade. O tratamento das ITU leva a um alto consumo de antimicrobianos, muitas vezes indicados de forma empírica, sem o prévio resultado da identificação bacteriana e do teste de sensibilidade ao antimicrobiano. Concomitantemente, tem se verificado a emergência de bactérias Gram-negativas resistentes, principalmente a -lactâmicos e fluoroquinolonas, tanto em infecções de origem hospitalar como na comunidade. O objetivo deste estudo é caracterizar os mecanismos de resistência de bactérias Gram negativas pertencentes a bacterioteca do Núcleo de Pesquisa em Microbiologia Médica isoladas a partir de pacientes com infecção do trato urinário, adquiridas na comunidade ou no ambiente hospitalar, atendidos no Hospital Universitário Dr. Riet Corrêa Jr. (HU_FURG), no município de Rio Grande, Rio Grande do Sul, Brasil. Serão estudadas todas as bactérias Gram negativas isoladas a partir da urina de pacientes com infecção do trato urinário atendidos no HU-FURG no período de agosto de 2012 a julho de 2014. Será realizada a identificação bacteriana e o teste de sensibilidade ao antimicrobiano através do sistema Phoenix. A identificação do mecanismo de resistência bem como o tipo da enzima envolvida será realizada por métodos fenotípicos de disco difusão e por técnicas moleculares de PCR multiplex. Para fluoroquinolonas, será estudado o mecanismo de efluxo e o sequenciamento dos genes *gyrA*, *gyrB*, *parC* e *parE*. O custo biológico dos mecanismos de resistência será determinado pelo fitness relativo obtido em curvas de crescimento de cepas com mesmo mecanismo de resistência em relação às sensíveis. Todas as cepas serão genotipadas por digestão do DNA genômico e posterior eletroforese em campo pulsado. Os resultados obtidos serão comparados estatisticamente entre as amostras de origem hospitalar e aquelas obtidas na comunidade. O conhecimento da população bacteriana associada a ITU, bem como a frequência de resistência frente aos antimicrobianos poderão servir de uma ferramenta mais acurada para a indicação de terapias para a região. Além disto, o conhecimento dos genótipos presentes na população poderá determinar fontes de contaminação e a dinâmica da transmissão das cepas sensíveis e resistentes, tanto na

comunidade quanto no ambiente hospitalar, indicando melhores condutas preventivas e terapêuticas para controlar estas infecções. A avaliação mais profunda destes mecanismos de resistência proporcionará mais subsídios para compreender a emergência de resistência, falhas terapêuticas e auxiliará no desenvolvimento de fármacos que apresentem diferentes princípios de ação ou introdução de inibidores destes mecanismos de resistência.