

10 DE NOVEMBRO DE 2023

**PREVALÊNCIA DE *KLEBSIELLA PNEUMONIAE* EM NEONATOS
INTERNADOS NA UTI NEONATAL DE UM HOSPITAL DO NOROESTE DO
PARANÁ**

Luana Vilella de Freitas, Eliana Carolina Vespero, Marcia Regina
Eches Perugini

Área Temática: Saúde

Instituição de Ensino: Universidade Estadual de Londrina (UEL)

E-mail para contato: luavdf@gmail.com

Trabalho vinculado ao Programa de Formação Complementar nº 033

Resumo

Os neonatos fazem parte do grupo de pacientes mais vulneráveis às Infecções causadas pela Assistência a Saúde (IRAS), pois não possuem o sistema imunológico completamente formado, além de muitas vezes passarem por procedimentos invasivos e utilizarem de antimicrobianos. Os patógenos mais frequentemente associados às IRAS foram agrupados pela Organização Mundial da Saúde pelo acrônimo ESKAPE, que incluem *Enterococcus faecium*, *Staphylococcus aureus*, *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii*, *Pseudomonas aeruginosa* e *Enterobacter* spp. Sabendo disto este estudo teve como objetivo avaliar a frequência e genotipagem de *K. pneumoniae* destes pacientes. As amostras foram coletadas de swabs de vigilância dos neonatos internados nas Unidades de Terapia Intensiva Neonatal de um hospital da região noroeste do Paraná, no período de outubro de 2020 a maio de 2021. As amostras foram analisadas por meio de metodologia manual, e a resistência a antimicrobianos pelo método de disco difusão. A identificação de genes de resistência a betalactâmicos foi realizada por PCR (Reação em cadeia de polimerase). Foram investigados os genes *bla_{CTX-M1}*, *bla_{CTX-M15}*, *bla_{CTX-M2}*, *bla_{CTX-M8}*, *bla_{CTX-M9}* e *bla_{CTX-M25}*, *bla_{KPC}* e *bla_{NDM}*. Verificou-se que 43,2% dos isolados foram positivos para *K. pneumoniae*, sendo que 40% destes eram resistentes a carbapenêmicos enquanto 18% apresentaram teste fenotípico positivo para beta-lactamases de Espectro Estendido. Os genes mais prevalentes foram *bla_{CTX-M1}* (27 isolados) e, destes, 55,5% apresentaram o subgrupo *bla_{CTX-M15}*. O gene *bla_{KPC}* foi identificado em 90% das amostras. Nenhum isolado era portador do gene *bla_{NDM}*. Concluímos que houve uma maior prevalência de *Klebsiella pneumoniae* nas amostras analisadas, sendo que de sua maioria apresentava resistência aos carbapenêmicos.

Palavras-chave: *Klebsiella pneumoniae*; neonatos; *bla_{CTX-M1}*; *bla_{KPC}*.