

325

**TESTE DE SUCEPTIBILIDADE E TRIAGEM FENOTÍPICA DA PRODUÇÃO DE METALO B-LACTAMASE EM PSEUDOMONAS AERUGINOSA DE EFLUENTE HOSPITALAR E AMOSTRAS DE ÁGUA SUPERFICIAL.** Carolina de Souza Gusatti, Daiane Bopp Fuentesfria,

Gertrudes Corcao (orient.) (UFRGS).

O descarte do esgoto hospitalar não tratado em corpos hídricos tem uma grande importância na disseminação de bactérias patogênicas à população, principalmente por estas serem as principais responsáveis pelas características de resistência a antimicrobianos. Entre esses microrganismos está a *Pseudomonas aeruginosa*, um bacilo gram-negativo não fermentador da glicose responsável por infecções, principalmente em pacientes imunocomprometidos. Novas formas de resistência têm sido identificadas em *Pseudomonas*, como a produção de metalo  $\beta$ -lactamase (MBL), enzima que hidrolisa agentes  $\beta$ -lactâmicos. Para o estudo da produção de MBLs por *P. aeruginosa*, as amostras foram coletadas na cidade de Passo Fundo, RS, em 6 pontos distintos: A, B, C, D, E, F. As regiões de coleta foram o rio Passo Fundo, e o esgoto hospitalar. As cepas de *P. aeruginosa* foram identificadas através de provas bioquímicas e análise do 16S DNAr. O perfil de susceptibilidade foi avaliado pelo antibiograma, seguindo metodologia do NCCLS. A triagem fenotípica da produção de MBL foi feita pela aproximação de discos utilizando como substratos imipenem e ceftazidima e, como inibidores o EDTA e o ácido 2-mercaptopropiônico (MPA). Para confirmação de MBL dos isolados com susceptibilidade reduzida a imipenem e meropenem realizou-se a metodologia de Etest<sup>®</sup>M $\beta$ L. Das 199 cepas selecionadas, 42% apresentaram perfil de Intermediário à Resistente para pelo menos um dos antibióticos testados. Na triagem de imipenem com EDTA, e de ceftazidima com MPA, 31% e 95% foram positivas, respectivamente. Na metodologia de Etest<sup>®</sup>M $\beta$ L, foram analisados 77 isolados e destes, 71% foi negativo, 8% positivo, e 21% não foi determinado. A confirmação da produção de MBL será feita pela análise de PCR dos genes *bla*<sub>IMP</sub>, *bla*<sub>VIM</sub>, *bla*<sub>SPM-1</sub>.