

CANDIDEMIA: PERFIL EPIDEMIOLÓGICO, SENSIBILIDADE ANTIFÚNGICA E DIAGNÓSTICO POR MALDI-TOF DOS ISOLADOS EM UM HOSPITAL UNIVERSITÁRIO DO NORDESTE DO BRASIL

Ana Emília M. Roberto¹; Carlos Alberto T. Valeriano¹; Cláudia Fernanda de L. Vidal²; Júlia F. Campos³; Ertênia P. Oliveira¹; Gabrielli Maria F. Oliveira⁴; Danielle Patrícia C. Macedo⁵; Carolina M. Silva¹; Ana Maria R. C. Parahym⁵; Sylvia L. Hinrichsen⁶; Rejane P. Neves¹; Reginaldo G. Lima Neto^{1,6}.

¹ Programa de Pós-Graduação em Biologia de Fungos, Departamento de Micologia, Universidade Federal de Pernambuco (UFPE), Recife, PE, Brasil.

² Comissão de Controle de Infecção Hospitalar, Hospital das Clínicas (HC), UFPE, Recife, PE, Brasil.

³ Centro de Tecnologia Estratégicas do Nordeste-CETENE, Recife, PE, Brasil.

⁴ Programa de Pós-Graduação em Engenharia Biomédica

⁵ Departamento Ciências Farmacêuticas, UFPE.

⁶ Núcleo de Epidemiologia, Pesquisa e Infectologia, HC/UFPE e Departamento de Medicina Tropical, UFPE.

email: carlosneuron_7@hotmail.com

No Brasil o aumento na incidência de candidemia por espécies de *Candida* não-*albicans*, tem como principal isolado clínico a *C. parapsilosis*, a qual está relacionada ao uso de dispositivos médico-hospitalares, visto que esta espécie possui grande capacidade de produzir biofilme em matérias inertes. Os procedimentos convencionais para diagnóstico vêm sendo complementados por métodos proteômicos, através da técnica de MALDI-TOF MS. Diagnosticar leveduras clínicas pela técnica de MALDI-TOF MS, além de determinar o perfil de sensibilidade antifúngica dos isolados. Foram coletadas amostras sanguíneas de pacientes internados em UTI com suspeita clínica para candidemia, entre Junho de 2014 a Maio de 2015, no Hospital das Clínicas de Recife-PE. Os isolados obtidos a partir das hemoculturas foram identificados por taxonomia clássica, seguida pelo MALDI-TOF MS através da extração protéica para a obtenção espectral, os espectros foram exportados ao software Biotyper™ para se obter as identificações. Foi realizado o teste de sensibilidade antifúngica frente às equinocandinas (anidulafungina, caspofungina e micafungina), através dos métodos M27-A3 e M27-S4, padronizados através do CLSI. As amostras clínicas permitiram o isolamento de 14 cepas de *Candida*, todas a partir de diferentes pacientes. O MALDI Biotyper identificou seis isolados do complexo *C. parapsilosis*, seguida por cinco de *C. albicans*, dois isolados de *C. tropicalis* e dois isolados de *C. haemulonii*. Todos os isolados foram sensíveis às equinocandinas, exceto um isolado de *C. parapsilosis* frente a micafungina que teve um resultado de 4µg/mL classificado com sensibilidade intermediária. Evidenciou-se uma mudança no perfil epidemiológico das espécies de *Candida* que causam candidemia, com predomínio de *Candida* não-*albicans*. A nova abordagem proteômica para identificação pode melhorar o diagnóstico e promover economia de tempo e redução dos custos de hospitalização do paciente.

Palavras chave: Candidemia; MALDI-TOF MS; Equinocandinas.

Apoio: CNPQ/ Capes