

TÍTULO: PERFIL DE CEPAS DE KLEBSIELLA PNEUMONIAE PORTADORA DE GENES DE RESISTÊNCIA A ANTIBIÓTICOS DESCRITAS NO BANCO DE DADOS GENBANK (NCBI).

AUTORES: CORRÊA, M.E.R; GOMES, A.C.A; SANTOS, A.C.C; BORGES, B.G.M; PONTES, L.S; OLIVEIRA, J.G; ALMEIDA, E.R.O; VIANA, E.L.C; OLIVEIRA, R.S;

INSTITUIÇÃO: UNIVERSIDADE DA AMAZÔNIA, PARÁ, PA (AVENIDA BERNARDO SAYÃO, 8420, CEP 67030-007, BELÉM-PA, BRASIL)

RESUMO:

A *Klebsiella pneumoniae* é uma bactéria gram-negativa pertencente a família das enterobacteriaceae, podendo viver de forma harmoniosa na microbiota humana. Contudo, ao se multiplicam de forma exacerbada, podem causar infecções no hospedeiro como: infecção do trato urinário e pneumonias. Esse quadro de infecção pode ser agravado a medida que, cepas dessa espécie expressem genes de resistência a antibióticos, que permitem que consigam sobreviver na presença desses fármacos, dificultando o tratamento. Dessa forma, o objetivo desse trabalho foi determinar o perfil de cepas de *Klebsiella pneumoniae* portadoras de genes de resistência a antibióticos descritos no banco de dados Genbank (NCBI). Para isso, foi realizado um estudo retrospectivo descritivo de genes codificantes de resistência, relacionados a cepas de *Klebsiella pneumoniae*, depositados no banco de dados Genbank (NCBI) até o ano de 2020. A busca foi realizada utilizando o filtro “gene” e utilizou-se o nome de 27 genes relacionados a resistência a antibióticos descritos na literatura. Foi realizada uma análise estatística descritiva a partir dos dados extraídos dos arquivos no formato Genbank de cada sequência, utilizando a ferramenta Excel (Office 316), analisando as variáveis: local de isolamento e localização geográfica da cepa portadora do gene. Foi obtido 46 sequências de genes associados a cepas de *Klebsiella pneumoniae*. Essas cepas foram isoladas principalmente de amostras de origem humana (63%), das quais destaca-se como local de isolamento: corrente sanguínea (13%) e swab retal (11%). Entre esses genes, 41% estão relacionados a produção de beta-lactamases, um mecanismo de resistência relacionado principalmente a infecção hospitalar. Além disso, 22% da sequência desses genes foram identificados como gene de resistência bla-TEM-1, relacionado a resistência a beta-lactâmicos, como: penicilinas, cefalosporinas, carbapenêmicos, monobactâmicos e cefamicinas. Essas cepas foram identificadas principalmente em países como: China (13%), Coreia (11%) e França (11%). Sendo assim, o entendimento do perfil epidemiológico dessas cepas, relacionado aos genes de resistência, favorece a obtenção da melhor forma de tratamento, reduzindo o surgimento de cepas resistentes e consequentemente a disseminação de genes de resistência.

PALAVRAS-CHAVE: *Klebsiella pneumoniae*, Resistência a antibióticos; Genes de resistência.