

**TÍTULO:** EPIDEMIOLOGIA MOLECULAR E CARACTERIZAÇÃO DO RESISTOMA DE ISOLADOS CLÍNICOS DE *KLEBSIELLA PNEUMONIAE* E *ACINETOBACTER BAUMANNII* MULTIRRESISTENTES RECUPERADAS DA AMAZÔNIA BRASILEIRA

**AUTORES:** BIGHI, N. M. S. <sup>1 2</sup> ; FREITAS, F. <sup>2</sup> ; VICENTE, A. C. P. <sup>2</sup> ; FONSECA, E. L. <sup>2</sup>

**INSTITUIÇÕES:** 1. UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO DE JANEIRO (AVENIDA PEDRO CALMON, 550 - CIDADE UNIVERSITÁRIA, CEP: 21941-901, RIO DE JANEIRO-RJ, BRASIL); 2. LABORATÓRIO DE GENÉTICA MOLECULAR DE MICRORGANISMOS, INSTITUTO OSWALDO CRUZ, FIOCRUZ (AVENIDA BRASIL, 4365, PAVILHÃO LEÔNIDAS DEANE, SALA 607 - MANGUINHOS, CEP: 21040-900, RIO DE JANEIRO- RJ, BRASIL)

**RESUMO:**

Um dos principais problemas de saúde pública é a questão de infecções bacterianas hospitalares. Além disso, várias linhagens bacterianas apresentam uma maior capacidade de colonização e persistência, juntamente com um perfil de resistência a antibióticos expressivo, dificultando o tratamento e controle das infecções. Desta forma, se faz necessário conhecer o cenário epidemiológico das linhagens bacterianas circulantes, bem como o seu resistoma (conjunto de genes de resistência de um ambiente/organismo) e mobiloma (conjunto de elementos genéticos móveis de um ambiente/organismo), para compreender de forma mais ampla a dinâmica do espalhamento e emergência da resistência. O objetivo deste trabalho foi definir a relação genética, o perfil de resistência aos antimicrobianos, identificar genes de resistência e elementos genéticos móveis em isolados de *Acinetobacter baumannii* e *Klebsiella pneumoniae* recuperados de um hospital em Boa Vista, Roraima, Brasil. Para caracterização fenotípica foi feito o teste de susceptibilidade a antimicrobianos pelo método de disco de difusão e Etest. A presença de plasmídeos foi verificada através de extração de DNA plasmidial utilizando kits comerciais. Diferentes genes de resistência foram investigados através de PCR e sequenciamento. A relação genética dos isolados foi determinada através da abordagem de *Multilocus Sequence Typing* utilizando os esquemas já estabelecidos para diferentes espécies bacterianas. Os isolados apresentaram perfis de multirresistência e extrema resistência. Ambas as espécies carregam genes de resistência, como *blaSHV*, *blaKPC* em *K. pneumoniae* e *blaOXA-23*, *blaOXA-72* e *blaOXA-66* em *A. baumannii*. A presença de plasmídeos foi detectada nos isolados da espécie *K. pneumoniae*. A respeito da relação genética da espécie *K. pneumoniae*, 73,3% foram identificados como ST novos, ou seja, a combinação de diferentes alelos dos genes *housekeeping* gerou um ST ainda não descrito no banco de dados. Também foram encontradas linhagens consideradas pandêmicas, como o ST307, ST15 e ST11. No caso de *A. baumannii*, 20% dos isolados pertenciam a um ST novo e os demais isolados foram considerados STs pandêmicos (ST78 e ST758). Por fim, conclui-se que os genes de resistência encontrados explicam, em parte, o fenótipo de resistência observado. Além disso, a identificação de linhagens pandêmicas de *K. pneumoniae* e *A. baumannii* em uma cidade da Amazônia Brasileira está em consonância com o cenário epidemiológico mundial.

**Palavras-chave:** Epidemiologia genética, Resistência a antibióticos, Infecção hospitalar

**Agências de fomento:** CNPq, Instituto Oswaldo Cruz