

O gene *bla*_{NDM-1} é disseminado entre espécies de *Acinetobacter* por plasmídeos conjugativos 40 Kb desprovidos de *Tn125* altamente similares entre si e ao plasmídeo pNDM-JN02 detectado na China

^aJuliana Coutinho Campos, Aline Valério de Lima*, ^aDarlan Augusto da Rocha, ^aSuely C F Sampaio e Jorge Luiz Mello Sampaio

^aUniversidade de São Paulo (USP), Faculdade de Ciências Farmacêuticas – Laboratório de Microbiologia Clínica - Avenida Professor Lineu Prestes, 580 Bloco 17 - Cidade Universitária - SP;

As espécies do gênero *Acinetobacter* são importantes agentes de infecções relacionadas à assistência à saúde em todo o mundo. O tratamento empírico de infecções graves causadas por esses agentes usualmente inclui os carbapenêmicos. Essa terapia, se inadequada, está relacionada a um aumento significativo da mortalidade. A resistência aos carbapenêmicos pode ocorrer por alteração do alvo, permeabilidade reduzida ou produção de carbapenemases, sendo este último o mecanismo mais eficiente. Um grupo emergente de carbapenemases em *Acinetobacter* são as NDMs. Durante o período de novembro de 2013 a agosto de 2016, foram detectados nove casos autóctones de colonização retal por *Acinetobacter* produtores de NDM-1 em hospitais privados da grande São Paulo. Neste relato são apresentados os resultados obtidos com cinco isolados das espécies *A. ursingii*, *A. junii* e *A. bereziniae*. O objetivo deste trabalho foi a caracterização do contexto genético de *bla*_{NDM-1} em *Acinetobacter* spp. Os isolados foram submetidos a conjugação com *Acinetobacter baumannii* J2281237 PolB R e *Escherichia coli* J53 Azida R e extração plasmidial. O sequenciamento do genoma foi realizado no sistema MiSeq após preparo da biblioteca por metodologia mate pair. A presença do gene *bla*_{NDM-1} nos transconjugantes foi verificada por PCR. A identificação das espécies foi confirmada por sequenciamento completo do gene *rpoB*. Nos cinco isolados foi possível obter transconjugantes com a cepa *A. baumannii* J2281237 PolB R e *Escherichia coli* J53 Azida R. Os plasmídeos são de grupo de incompatibilidade não tipável, com 38.852 bp a 42.497 bp, origens de replicação idênticas, 99% de similaridade entre si e 99% de similaridade com plasmídeo pNDM-JN02 (GenBank KM210088.1), isolado de *Acinetobacter lwoffii*, na China em 2015. Os cinco plasmídeos descritos neste estudo possuem operon com genes *virB*, exceto *virB2*, *virB3* e *virB7*, mas possuem os genes *trA*, *trC* e *trD*. O gene *bla*_{NDM-1} está localizado nas posições 10.359 a 11.171, flanqueado à montante por uma cópia da *ISAbal25* íntegra, e à jusante pelos genes *ble*, *trpF*, *tat* e *tnpR*. Os genes *groES*, *groEL*, *insE* e a segunda cópia da *ISAbal25* estão ausentes. Os achados deste estudo evidenciam que a disseminação do gene *bla*_{NDM-1} entre *A. ursingii*, *A. junii* e *A. bereziniae* em São Paulo é mediada por plasmídeos conjugativos de cerca de 40 k, desprovidos de *Tn125*.

Palavras-chave: Resistência bacteriana, *Acinetobacter*, NDM, plasmídeo.

Agência de Fomento: FAPESP/CNPQ.