



XXX Seminário de

INICIAÇÃO CIENTÍFICA

DA UFERSA

09 a 12 de dezembro de 2024

Núcleo de Avaliação: Núcleo I

Área temática: Ciências Biológicas

Área do Conhecimento: Genética Molecular e de Microorganismos

INVESTIGAÇÃO DA PREVALÊNCIA DE DETERMINANTES DE RESISTÊNCIA AOS ANTIMICROBIANOS EM GENOMAS DEPOSITADOS EM BANCO DE DADOS DE *Klebsiella pneumoniae* NO BRASIL

Mateus de Oliveira Carvalho, Caio Augusto Martins Aires

Historicamente, o tratamento de infecções graves causadas por patógenos produtores de beta-lactamases de espectro estendido se concentrou no uso de carbapenêmicos. No entanto, a propagação de cepas resistentes, como a *Klebsiella pneumoniae* produtora de carbapenemase (KPC) — uma serino- β -lactamase da classe A que confere resistência aos carbapenêmicos, incluindo o imipenem — representa um obstáculo significativo ao tratamento eficaz. Este estudo analisou a prevalência dos genes de resistência em genomas de *K. pneumoniae* produtoras de KPC no Brasil. Utilizou-se uma abordagem quantitativa para analisar dados genômicos de *K. pneumoniae*, extraídos do banco de dados do National Center for Biotechnology Information (NCBI) até 18 de janeiro de 2024. A coleta de dados foi realizada com a ferramenta de Pathogen Detection do NCBI, com filtros aplicados para garantir a precisão e relevância dos resultados. Os dados foram selecionados considerando a espécie *K. pneumoniae*, o genótipo bla_{KPC} , e foram restringidos a isolados provenientes do Brasil, obtidos de amostras clínicas com *Homo sapiens* como hospedeiro. Foram identificados 614 isolados de *K. pneumoniae*, nos quais 163 genes relacionados à resistência antimicrobiana foram detectados. A maioria das amostras foi proveniente de sangue (49,8%), seguidas por urina (14,8%), cateteres (2,7%) e 4,2% de outros materiais clínicos variados. O gene de resistência bla_{KPC-2} apresentou-se como a variante gênica predominante, sendo encontrado em 539 amostras, enquanto variantes menos frequentes como bla_{KPC-3} , bla_{KPC-30} , $bla_{KPC-157}$, $bla_{KPC-113}$, bla_{KPC-33} , $bla_{KPC-181}$ e bla_{KPC-44} também foram detectadas. Além do bla_{KPC} , outros genes de resistência de importância foram observados, incluindo o $bla_{CTX-M-15}$, uma beta-lactamase de espectro estendido (ESBL), encontrado em 99,19% das amostras. O gene $aph(3')-Ia$ foi encontrado em 44,95% das amostras, associado à resistência aos aminoglicosídeos. O gene bla_{TEM-1} foi identificado em 61,56% das amostras, e outros genes como $oqxB$ e bla_{SHV-11} , relacionados à resistência a quinolonas e colistina, respectivamente, apresentaram prevalências de 81,60% e 77,04%. A presença de bla_{SHV-11} foi observada em 77,04% das amostras, enquanto variantes adicionais como bla_{SHV-1} , bla_{SHV-2} , bla_{SHV-5} , bla_{SHV-12} e bla_{SHV-27} tiveram frequências de 13,52%, 0,49%, 0,33%, 0,81% e 4,07%, respectivamente. Outras variantes, como bla_{SHV-2A} , bla_{SHV-28} , bla_{SHV-32} , $bla_{SHV-110}$, $bla_{SHV-121}$ e $bla_{SHV-187}$, apresentaram frequências entre 0,16% e 0,65%. Observou-se a elevada prevalência de genes de resistência antimicrobiana em isolados de KPC no Brasil, com destaque para o gene bla_{KPC-2} , presente na maioria das amostras analisadas. A presença de variantes adicionais, como bla_{KPC-3} , bla_{KPC-30} e outras, revela uma diversidade

genética que reforça os desafios no controle e tratamento de infecções por esses patógenos. Além disso, a identificação frequente de genes como *bla_{CTX-M-15}*, *aph(3')-Ia*, *bla_{SHV-11}* e *oqxB* sugere uma ampla resistência não só aos beta-lactâmicos, mas também a outras classes de antimicrobianos, incluindo aminoglicosídeos, quinolonas e colistina.

Palavras-chave: *Klebsiella pneumoniae*, Carbapenemase, Resistência antimicrobiana, Genes de resistência.

Agência financiadora: PIVIC/Ações Afirmativas

Campus: Mossoró
