

Núcleo de Avaliação: Núcleo I.

Área temática: Ciências Biológicas.

Área do Conhecimento: Genética molecular e de microrganismos.

INVESTIGAÇÃO DA PREVALÊNCIA DE DETERMINANTES DE VIRULÊNCIA E RESISTÊNCIA AO ESTRESSE EM GENOMAS DEPOSITADOS EM BANCO DE DADOS DE *Klebsiella pneumoniae* NO BRASIL

Antônio Samuel da Silva Costa, Caio Augusto Martins Aires.

Klebsiella pneumoniae é um patógeno de importância clínica, principalmente quando associado à característica de resistência a antibióticos. Classicamente, ela é apresentada como um patógeno oportunista, mas vem sendo cada vez mais relevante por apresentar características de evasão a antimicrobianos, de resistência ao estresse ocasionada por condições ambientais e de capacidade de gerar doenças graves, sendo que a disseminação de tais genes por meio de plasmídeos ocorre de forma a consolidar essas características, como é notado entre o grupo dos patógenos entéricos, ao qual a *K. pneumoniae* faz parte. Dessa forma, essa pesquisa buscou analisar a prevalência dos genes de virulência e resistência a agentes estressores em genomas de *K. pneumoniae* isolados no Brasil. Nesse sentido, foi realizada pesquisa que analisou genomas depositados em banco de dados do NCBI (*National Center for Biotechnology information*), com a utilização das ferramentas *Pathogen detection* e *Isolates Browser* do NCBI e a seleção de genomas levou em conta o genótipo *bla_{KPC}* e os filtros de localização (Brasil), tipos de isolados (clínico) e hospedeiro (humanos). Com isso, foram selecionados e analisados 614 genomas de *K. pneumoniae* que atendiam os requisitos da pesquisa e, entre os dados analisados, foram encontrados 54 genes relacionados à resistência ao estresse e 7 genes associados às características de virulência. Os principais materiais clínicos cujas cepas foram isoladas foram sangue (258), urina (77) e *swabs* retais (55). Nas amostras, genes associados à resistência a estresse ocasionado por metais foram encontrados, como o operon *merABCDEFPR* (resistência ao mercúrio), sendo que houve 253 isolados no banco de dados que apresentaram pelo menos um representante desse grupo de genes e o *merR* foi o gene que mais apareceu entre eles (27,5 % dos isolados). Ademais, outros operons foram encontrados, como *silABCEFRS* (resistência à prata), sendo o gene *silR* encontrado em 84,53 % das amostras, além da presença de um desses genes em 522 isolados entre os 614 analisados. O operon *pcoABCDEFRS* (resistência ao cobre) foi outro conjunto de genes identificado nas análises da pesquisa, que só não esteve presente em 15,1 % dos genomas analisados e os genes *pcoCP* foram os que mais apareceram (ambos em 84,03 % dos isolados). Ademais, o gene *asr* (*Acid Shock RNA*) foi encontrado em 90,39 % das amostras. Os genes associados à virulência encontrados fazem parte dos operons *ybtPQ* (54,44 % das amostras) e *iucABCD/iutA* (1 dos isolados), que

codificam mecanismos de captação de ferro (sideróforos). Por conseguinte, apenas um isolado apresentou os dois mecanismos de captação de ferro citados e 45,56 % dos isolados não apresentaram nenhum, enquanto todos apresentaram ao menos 1 mecanismo de resistência ao estresse. É perceptível, portanto, a alta prevalência de mecanismos associados à resistência ao estresse, chegando a haver a presença de determinantes dessa característica em todos os isolados (100% dos casos) e prevalências que vão a 27,5 % a 90,39 % entre os principais representantes dos principais operons, enquanto a quantidade de mecanismos de virulência detectados foi menor, apesar da presença de 1 mecanismo em mais da metade dos isolados.

Palavras-chave: Infecção, *Enterobacteriaceae*, vigilância.

Agência financiadora: PIVIC/Ações Afirmativas.

Campus: Mossoró.
