

**Núcleo de Avaliação:** Núcleo I

**Área temática:** Ciências Biológicas

**Área do Conhecimento:** Genética Molecular e de Microrganismos

## **Análise da prevalência de determinantes de resistência a antimicrobianos em genomas de isolados brasileiros de *Neisseria gonorrhoeae***

Gabriel Belo Cavalcante Linhares, Moisés Vasco de Freitas, Yasmin Luise Lucena e Silva, Clara Myrla Wanderly Santos Abreu, Caio Augusto Martins Aires

A análise genômica dos isolados de *Neisseria gonorrhoeae* brasileiros permite a identificação de mutações que possam conferir resistência aos antimicrobianos, bem como o estudo de variantes genéticas associadas a diferentes linhagens da bactéria. A relevância dessa análise está na capacidade de fornecer informações detalhadas sobre os mecanismos de resistência em uma escala genômica. Isso ajuda a compreender o surgimento e a disseminação dos genes de resistência, permitindo o desenvolvimento de estratégias de vigilância mais eficazes e a identificação de alvos terapêuticos para combater a resistência antimicrobiana. Os objetivos do estudo são identificar as principais mutações em genes associados à resistência aos antimicrobianos de isolados brasileiros de *N. gonorrhoeae*, coletar dados genômicos bacterianos de *N. gonorrhoeae* isolados no Brasil; calcular a prevalência das mutações - considerando o número de genomas analisados -, identificar as mutações mais frequentes e sua associação com a resistência aos antimicrobianos em *N. gonorrhoeae* e identificar os mecanismos de resistência associados às bombas de efluxo. Os dados foram coletados do NCBI (National Center for Biotechnology Information) utilizando a ferramenta Pathogen Detection. A pesquisa foi realizada em setembro de 2023, utilizando como filtros: *Neisseria gonorrhoeae*; grupo de organismo, *Neisseria gonorrhoeae*; localização, Brasil; tipo de isolado, clínicos; hospedeiro, *Homo sapiens*. Ao todo, 128 amostras foram selecionadas. Os resultados foram extraídos em formato CSV e convertidas para xlsx a fim de facilitar o processamento dos dados no software Microsoft Office Excel®. Posteriormente, utilizou-se o programa AMRFinderPlus para gerar uma tabela com informações relevantes sobre os microrganismos, incluindo identificadores de isolados, data de cadastro e genótipos de RAM. Genes relacionados à resistência foram organizados em colunas, e as mutações foram classificadas como presentes ou ausentes para determinar sua frequência. Também foi calculada a quantidade de substituições e mutações em cada gene. Os genótipos foram categorizados como completos, parciais, mistranslation ou point, de acordo com a extensão e a natureza das mutações. A análise descritiva foi realizada no Excel®, avaliando a presença de genes específicos e a frequência de mutações em 128 amostras. Os resultados da análise do gene *penA*, relacionado à resistência aos beta-lactâmicos, mostraram alta frequência de mutações. As mutações A510V e F504L foram as mais prevalentes, presentes em 125 (97,66%) amostras. Outras mutações significativas incluíram A516G e D346DD, em 112 (87,5%) amostras cada. Mutações menos frequentes foram P551S, em 18 (14,06%) amostras, e G542S, em 21 (16,4%) amostras. Algumas mutações raras, como A501V,

---

A501T, P551L, A311V, I312M, e G545S, foram detectadas em menor proporção. Apenas duas amostras não apresentaram mutações no gene *penA*. No total, a maioria das cepas analisadas (96%) apresentou quatro ou mais mutações no gene *penA*. Portanto, constatam-se altas taxas de mutações no gene *penA* nas cepas analisadas, evidenciando que a resistência a beta-lactâmicos em *N. gonorrhoeae* é um problema de saúde significativo no Brasil. Esse padrão sugere que a seleção de variantes resistentes demanda alternativas terapêuticas e revisão dos protocolos de tratamento, com foco em antibióticos de segunda linha ou combinações terapêuticas.

**Palavras-chave:** Análise genômica, Gene PenA, Gonorreia, Resistência antimicrobiana.

**Agência financiadora:** PIVIC.

**Campus:** Mossoró

---