



**Núcleo de Avaliação:** Núcleo I

**Área temática:** Ciências Biológicas

**Área do Conhecimento:** Microbiologia; Microbiologia Aplicada; Microbiologia Médica

## **INVESTIGAÇÃO DA RESISTÊNCIA AOS ANTIMICROBIANOS EM GENOMAS PÚBLICOS DE *Acinetobacter baumannii* PRODUTORES DE OXA-23 ISOLADOS NO BRASIL**

Ana Luíza Leal de Meirelles de Almeida, Ana Larissa Pereira de Moura, Arthur Mousinho de Andrade Veríssimo, Caio Augusto Martins Aires

A resistência de *Acinetobacter baumannii* aos carbapenêmicos (CRAB) representa um desafio para a saúde pública devido à limitação de opções terapêuticas, aumento dos custos hospitalares e maior morbimortalidade. O principal mecanismo de resistência aos antimicrobianos envolve a produção de carbapenemases OXA, especialmente OXA-23, amplamente detectadas no Brasil e associadas a complexos clonais (CC) ou grupo de linhagens bacterianas predominantes (CC1, CC15, CC79 e CC25). Este estudo analisou a prevalência de genes de resistência e a distribuição de cepas de CRAB isoladas no Brasil. Os genomas foram investigados com a ferramenta Pathogen Detection do banco de genomas NCBI com enfoque em amostras com genótipo blaOXA-23 no Brasil. Foram obtidas 171 cepas de CRAB cujos genomas obtidos foram submetidos à tipagem molecular por Multi Locus Sequence Typing (MLST) no site Centro de Epidemiologia Genômica (CGE). Foi analisada a presença de genes de estresse e resistência. A interpretação dos dados foi realizada em lista numérica e tabela de frequências com o software Microsoft Excel. Um mapa de calor representando valores de 1 positivo (preto) ou 0 negativo (branco) para as variáveis de interesse foi criado utilizando a ferramenta Microsoft Excel. Foram identificados 17 tipos moleculares (STs) distintas, com destaque para ST1 (n=53), ST79 (n=50) e ST15 (n=30). Além do gene blaOXA-23, todas as cepas exibiram outros genes blaOXA (como blaOXA-72 e blaOXA-231), blaADC e blaKPC, indicando uma variabilidade genética relevante. Cada complexo clonal apresentou associações específicas com genes de resistência aos antimicrobianos, como ST1 com blaOXA-69, ST79 com blaOXA-65 e ST25 com blaOXA-64, revelando padrões genéticos distintos entre as amostras. Os genes de resistência mais comuns estavam relacionados a aminoglicosídeos, incluindo o gene *ant(3'')-IIa*, presente em 170 cepas, e o gene *armA*. A detecção do gene *armA*, que confere resistência de alto nível a aminoglicosídeos, e de variantes do tipo blaCTX-M, reforça a relevância do problema de multirresistência. As mutações encontradas, como S81L em

---



GyrA e E88K em ParC e em sistemas de efluxo de fármacos (AdeABC), estão associadas à resistência elevada às fluoroquinolonas. Foram detectados genes relacionados à resistência a sulfonamidas (*sul1*, *sul2*), macrolídeos (*msr*, *mph*) e colistina (*mcr-4.3*) em uma cepa. Também foram observados genes de resistência a tetraciclina frequentemente distribuídos entre os complexos clonais. Além disso, genes *merA* e *arsA* indicaram resistência a metais pesados, sugerindo pressão seletiva ambiental. Essa diversidade genética encontrada sugere a disseminação de genes de resistência por transferência horizontal nas cepas analisadas. O estudo mostrou que a maioria dos genomas foram oriundos de cepas isoladas da região Sudeste, com dados limitados nas regiões Norte, destacando a necessidade de uma melhor cobertura de amostragem em todo o país. Por fim, esses dados enfatizam a necessidade de melhores abordagens terapêuticas e políticas públicas para conter a disseminação dessas cepas multirresistentes. Além disso, ressaltamos a importância do emprego adequado de antimicrobianos no Brasil associado a um banco de dados de resistência antimicrobiana e de um programa nacional de gestão para reduzir a carga de infecções por CRAB.

**Palavras-chave:** *Acinetobacter baumannii*, blaOXA, resistência, carbapenemases, Brasil.

**Agência financiadora:** PIVIC

**Campus:** Mossoró

---