XXXI Seminário de Iniciação Científica da UFERSA

Núcleo de Avaliação: Núcleo I
Área temática: Ciências da Saúde
Área do Conhecimento: Ciências da saúde

Distribuição de Determinantes de Resistência Antimicrobiana em Genomas de *Klebsiella pneumoniae* Produtores de NDM: Uma Análise Baseada em Banco de Dados

Antônio Samuel da Silva Costa, Yago Queiroz dos Santos, Caio Augusto Martins Aires.

Klebsiella pneumoniae é uma bactéria Gram-negativa associada a infecções oportunistas que pertence ao grupo ESKAPE, conhecido pela resistência a antibióticos. *K. pneumoniae* representa uma ameaça significativa em contextos específicos, como hospitais, onde a resistência antimicrobiana e a virulência afetam o prognóstico. Além disso, um mecanismo clinicamente relevante de resistência em *K. pneumoniae* é a *metalo-β-lactamase* de Nova Délhi (NDM), uma enzima associada à resistência a β-lactâmicos e à transmissão horizontal. Dessa maneira, esse trabalho tem como objetivo analisar características genéticas de *K.pneumoniae* por meio da seleção de isolados produtores de NDM disponíveis em banco de dados. Este estudo utilizou a base de dados *NCBI Pathogen Detection*. Esse sistema integra sequências genômicas de patógenos bacterianos e fúngicos e analisa essas sequências usando o *AMRFinderPlus*. Os genomas foram selecionados com os seguintes filtros: espécie (*K. pneumoniae*); genótipo (blaNDM); localização (Brasil); tipo de isolado (clínico); e hospedeiro (*Homo sapiens*), até 14 de fevereiro de 2025. Um total de 91 genomas foram selecionados, compilados em um arquivo CSV e processados usando os softwares *Orange* e *Excel*. Os isolados foram então classificados com base no método de detecção: completo, parcial ou parcial no final do contig (via *BLAST*) e *HMM*. No total, 150 genes de resistência antimicrobiana (AMR) foram encontrados. O gene *ble*, que codifica uma proteína de resistência à bleomicina, estava presente em todos os isolados. O gene *emrD*, que codifica uma bomba de efluxo envolvida na resistência a choques de baixa energia, estava presente em 60% dos isolados, a mesma prevalência do *fosA* (resistência à fosfomicina). O gene *oqxA*, resistência às fluoroquinolonas, foi encontrado em 93,4% dos isolados, enquanto o *oqxB* apareceu em 69,2%. O gene *blaCTX-M-15*, produção de *ESBL*, foi detectado em 85,7%. Além disso, o *blaOXA-1* (também codifica uma betalactamase) foi encontrado em 71,4% dos isolados, e o *blaTEM-1* em 68,1% (também produtor de betalactamase). O gene *sul2*, resistência às sulfonamidas, estava presente em 64,8% dos isolados. Os genes de resistência a aminoglicosídeos *aph(3")-Ib* e *aph(6)-Id* foram encontrados em 53,8% dos isolados. O gene *aac(6')-Ib-cr*, relacionado à resistência a quinolonas e aminoglicosídeos, estava presente em 52,7% dos isolados. Além disso, outros genes de resistência foram identificados em frequências variando de 48,3% a 1,1% dos isolados. Esses achados revelam uma ampla diversidade de mecanismos de resistência em *K. pneumoniae* produtora de *NDM* no Brasil, enfatizando a importância da vigilância genômica e dos bancos de dados.

Palavras-chave: Genoma, epidemiologia, vigilância.

Agência financiadora: PICI/Ações Afirmativas.

Campus: Mossoró