



XI Encontro do Instituto Adolfo Lutz

Desafios do Laboratório de Saúde Pública: conhecer, monitorar e responder







04 a 07 de novembro de 2024

São Paulo/SP

e40810

• Genômica

Análise genômica comparativa de isolados clínicos e ambientais de *Klebsiella pneumoniae* produtoras de carbapenemases no contexto da Saúde Única

Damaris Krul^{1,2*} , Adriele Celine Siqueira^{1,2} , Bianca Ribeiro da Silva Negoseki² , Inayara de Sousa¹, Dany Mesa^{1,2} , Danieli Conte^{1,2} , Libera Maria Dalla-Costa^{1,2} 

¹ Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia Aplicada à Saúde da Criança e do Adolescente, Faculdades Pequeno Príncipe, Curitiba, PR, Brasil.

² Laboratório de Microbiologia e Doenças Infecciosas, Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia Aplicada à Saúde da Criança e do Adolescente, Instituto de Pesquisa Pelé Pequeno Príncipe, Curitiba, PR, Brasil.

*Autor de correspondência: kruldamaris@gmail.com

Coordenadora da Comissão Científica: Adriana Pardini Vicentini

O complexo de espécies *Klebsiella pneumoniae* (KpSC) é composto por microrganismos ubíquos, que podem causar infecções hospitalares. A espécie de maior destaque é *K. pneumoniae sensu stricto*, classificada pela organização mundial da saúde (OMS) como patógeno bacteriano prioritário para pesquisa e desenvolvimento de novos antimicrobianos. Essa espécie apresenta uma plasticidade genômica e elevada capacidade de aquisição, e transferência de genes de resistência aos antimicrobianos. Nesse contexto, nosso estudo teve como objetivo realizar uma análise comparativa das características fenotípicas e genotípicas de isolados clínicos e ambientais de KpSC. As amostras foram coletadas nas quatro estações do ano, no período de 2022-2023, em um hospital pediátrico terciário, sendo incluídos 33 isolados resistentes aos carbapenêmicos. Destes, sete isolados clínicos (cinco amostras de sangue e duas de *swab* retal) e 26 isolados de efluente hospitalar. A identificação foi realizada por MALDI-TOF MS e o teste de susceptibilidade aos antimicrobianos por microdiluição em caldo. O DNA genômico foi extraído e sequenciado em plataforma Illumina NextSeq 1000. A espécie prevalente foi *K. pneumoniae sensu stricto* (51,5%), seguida de *K. quasipneumoniae* subsp. *similipneumoniae* (45,5%). Quanto à resistência aos carbapenêmicos, 100% dos isolados foram resistentes ao ertapenem, 48,5% resistentes ao imipenem e 45,5% resistentes ao meropenem. Esse perfil de resistência se justifica pela presença dos seguintes genes: *bla*_{KPC-2} (91%), *bla*_{NDM-1} (6,0%) e *bla*_{KPC-3} (3,0%). Foram identificadas oito sequências tipo (STs): ST3318 (27,3%), ST392 (24,2%), ST11 (15,2%), ST367 (15,2%), ST872 (9,1%), ST530 (3,0%), ST735 (3,0%) e uma nova combinação de alelos o ST7147 (3,0%). O ST392 foi encontrado tanto em amostras clínicas quanto ambientais em diferentes períodos, revelando uma possível disseminação horizontal entre nichos ecológicos. A presença de bactérias resistentes em efluente hospitalar é considerada um problema de saúde pública no contexto da Saúde Única, pois esses contaminantes são liberados em águas superficiais e podem persistir, favorecendo a transmissão horizontal de genes de resistência.

Palavras-chave. *Klebsiella pneumoniae*, *Enterobacteriaceae* Produtoras de Carbapenemase, Saúde Única.

Comitê de Ética: Hospital Pequeno Príncipe, Parecer: 2.096.359.