

Caracterização Fenotípica e Genômica de Isolados MRSA-ST88 em um Hospital Terciário do Brasil

LUISA RODRIGUES BENFATTI¹, LETÍCIA KELLEN DE ANDRADE¹, TIAGO CASELLA^{1,2}, MARA CORRÊA LELLES NOGUEIRA^{1,2}

¹. FACULDADE DE MEDICINA DE SÃO JOSÉ DO RIO PRETO, CENTRO DE INVESTIGAÇÃO DE MICRORGANISMOS, SÃO JOSÉ DO RIO PRETO, SÃO PAULO, BRASIL

². HOSPITAL DE BASE DE SÃO JOSÉ DO RIO PRETO, SÃO JOSÉ DO RIO PRETO, SÃO PAULO, BRASIL

Staphylococcus aureus resistente à meticilina (MRSA) é um importante patógeno associado tanto a infecções comunitárias quanto a infecções relacionadas à assistência à saúde. O clone MRSA-ST88 apresenta ampla circulação na África e na Ásia, sendo raramente descrito no Brasil e na América Latina. Neste estudo, relatamos a identificação de seis isolados MRSA-ST88 durante a caracterização genética de 64 isolados MRSA provenientes de pacientes de um hospital terciário do Brasil, bem como seus perfis de suscetibilidade aos antimicrobianos e principais características genômicas. Determinar a relação filogenética entre os isolados MRSA-ST88, caracterizar seus perfis de suscetibilidade aos antimicrobianos e a diversidade de genes de virulência, resistência, plasmídeos e elementos genéticos móveis (EGMs). A identificação e os testes de suscetibilidade aos antimicrobianos (TSA) foram realizados por meio automatizado. O sequenciamento genômico foi realizado na plataforma Illumina MiSeq. Genes de resistência, virulência, plasmídeos e EGMs foram identificados utilizando as ferramentas disponibilizadas pelo *Center for Genomic Epidemiology*. Para a análise filogenética baseada em polimorfismos de nucleotídeo único do genoma core (core genome SNPs – cgSNPs), foram utilizados os programas Snippy, Snippy-core, Gubbins e SNP-dists. Um *heatmap* foi construído para a visualização dos perfis genômicos com Python 3. Seis isolados, obtidos entre 2021 e 2024, foram identificados como ST88. A resistência à oxacilina foi observada em 100% dos isolados, enquanto a resistência aos macrolídeos foi de 83% e às lincosamidas e fluoroquinolonas, em 17% cada. Todos apresentaram SCCmec IVc e diversidade de tipos *spa* (t1814, t4158, t13104). Os genes *mecA* e *blaZ* foram identificados em 100% e 83% dos isolados, respectivamente, enquanto *aph(3')-III*, *ant(6)-Ia*, *msr(A)* e *mph(C)*

foram identificados, separadamente, em 83% dos isolados. Genes codificadores de fatores de virulência, incluindo *hlqABC*, *lukDE*, *lukFS-PV*, *sak*, *scn*, *aur* e *splAB*, foram identificados em todos os isolados. Os plasmídeos rep16, rep19 e rep21 foram os mais frequentes. A sequência de inserção ISSau5 foi observada em 83% dos isolados. A análise filogenética revelou distâncias genéticas variando entre 52-114 SNPs. A identificação de seis isolados MRSA-ST88 ao longo de três anos indica a circulação desse clone no Brasil. A diversidade de tipos spa e as distâncias genéticas sugerem múltiplas introduções independentes. O perfil de resistência é compatível com os clones MRSA. A identificação consistente de genes de virulência, incluindo determinantes da leucocidina de Panton-Valentine, destaca o potencial patogênico dos isolados; e a presença de plasmídeos e da ISSau5 evidencia o papel dos EGMs na adaptação e evolução do clone ST88. Esses achados reforçam a importância da vigilância epidemiológica e genômica para a detecção precoce e monitoramento de clones emergentes de MRSA. A emergência do clone CA-MRSA-ST88 no Brasil, caracterizada por isolados carreadores de genes que codificam diferentes elementos genéticos móveis, múltiplos fatores de virulência e resistência a diferentes classes de antimicrobianos, evidencia seu potencial adaptativo e relevância clínica. A vigilância contínua é essencial para acompanhar a dinâmica epidemiológica e avaliar o potencial impacto do MRSA-ST88 na saúde pública do país.

Agradecimentos: CAPES e CNPq