

Caracterização Genômica e Análise Filogenética de *Pseudomonas aeruginosa* ST244 Multirresistente Proveniente de Fontes Clínicas e de Efluentes Hospitalares no Brasil

KAYO BIANCO¹, **HOSANA DAU FERREIRA SOUZA**¹, THEREZA CRISTINA COSTA VIANNA¹, ANA PAULA ALVES NASCIMENTO¹, ALEXANDER MACHADO CARDOSO², MAYSA MANDETTA CLEMENTINO¹

¹. FUNDAÇÃO OSWALDO CRUZ, INSTITUTO NACIONAL DE CONTROLE DE QUALIDADE EM SAÚDE, RIO DE JANEIRO, BRASIL

². UNIVERSIDADE DO ESTADO DO RIO DE JANEIRO, RIO DE JANEIRO, BRASIL

Pseudomonas aeruginosa é um patógeno oportunista amplamente associado a infecções relacionadas à assistência à saúde, especialmente em pacientes imunocomprometidos, destacando-se por sua elevada capacidade de persistência e disseminação em ambientes hospitalares. Entre seus clones de alto risco, o ST244 tem sido amplamente reportado devido à sua distribuição global, associação com fenótipos multirresistentes e adaptação a diferentes nichos ecológicos. Este estudo teve como objetivo caracterizar o genoma de isolados de *P. aeruginosa* ST244 provenientes de pacientes hospitalizados e de efluentes de um complexo hospitalar localizado no sudeste do Brasil, com foco nas relações filogenéticas, nos determinantes de resistência aos antimicrobianos e nos fatores de virulência associados à persistência e disseminação desse clone. Foram analisados dez isolados de ST244 oriundos de amostras clínicas e ambientais, submetidos ao sequenciamento de genoma completo (WGS), seguido de análises de tipagem molecular, filogenia baseada em SNPs, ribossomal MLST (rMLST), identidade nucleotídica média (ANI), sorotipagem in silico e detecção de genes de resistência, fatores de virulência e elementos genéticos móveis. As análises comparativas revelaram um grupo clonal altamente conservado, no qual nove isolados formaram um cluster monofilético coeso, sustentado por filogenia de SNPs, perfis de rMLST e valores de ANI superiores a 99,5%. Um isolado apresentou maior proximidade filogenética com cepas descritas na Ásia e na América do Norte, sugerindo possível disseminação internacional dessa linhagem. A sorotipagem in silico identificou as variantes O5 e O12, indicando diversidade antigênica intralinhagem. Todos os isolados apresentaram perfil multirresistente, incluindo genes de carbapenemase, como blaOXA-494 e blaOXA-396, além da presença de múltiplas sequências de inserção (ISPa1, ISPa6, ISPa22, ISPa32 e ISPa37), potencialmente associadas à mobilização e disseminação horizontal de genes de resistência. A análise de virulência demonstrou a conservação de genes relacionados à adesão, aquisição de ferro, sistemas de secreção e quorum sensing, enquanto o gene da citotoxina exoU esteve ausente em todos os isolados. Os resultados demonstram a persistência clonal do ST244 em ambientes clínicos e ambientais, sugerem possível transmissão intra-hospitalar e evidenciam a relação entre isolados brasileiros e sublinhagens disseminadas globalmente. Adicionalmente, reforçam a importância da vigilância genômica integrada na interface clínico-ambiental para o monitoramento e controle da disseminação de clones de alto risco de *P. aeruginosa*.

Agradecimentos: