

Pseudomonas aeruginosa XDR e PDR produtora de blaKPC em infecções associadas à assistência à saúde

LÍDIA TEODORA DANTAS BRITO^{1,2}, LÍVIA ROBERTA PIMENTA SOUZA^{1,2}, KELLY RIBEIRO SÁ^{1,2}, DAVI BEZERRA MELQUIADES^{1,2}, NICOLAS ALBUQUERQUE BARRETO¹, JOSÉ CARLOS DA ROCHA NETO³, LARISSA RODRIGUES DOS SANTOS SILVA⁴, DANILO ELIAS XAVIER³, ELOIZA HELENA CAMPANA^{1,2}

¹. UNIVERSIDADE FEDERAL DA PARAÍBA, LABORATÓRIO DE BIOLOGIA MOLECULAR- CENTRO DE CIÊNCIAS MÉDICAS, JOÃO PESSOA/ PARAÍBA, BRASIL

². UNIVERSIDADE FEDERAL DA PARAÍBA, NÚCLEO DE MEDICINA TROPICAL- CENTRO DE CIÊNCIAS DA SAÚDE, JOÃO PESSOA/ PARAÍBA, BRASIL

³. FUNDAÇÃO OSWALDO CRUZ, DEPARTAMENTO DE MICROBIOLOGIA, INSTITUTO AGGEU MAGALHÃES, RECIFE/ PERNAMBUCO, BRASIL

⁴. HOSPITAL UNIVERSITÁRIO LAURO WANDERLEY, UNIDADE DE LABORATÓRIO DE ANÁLISES CLÍNICAS, JOÃO PESSOA/ PARAÍBA, BRASIL

Pseudomonas aeruginosa é um bacilo gram-negativo não fermentador de grande relevância clínica, por estar frequentemente associada às Infecções Relacionadas à Assistência à Saúde (IRAS) e apresentar elevada capacidade de adquirir e disseminar mecanismos de resistência aos antimicrobianos. Assim, cepas extensivamente resistentes (XDR) e pan-resistentes (PDR) dificultam o manejo clínico das IRAS, devido à escassez de opções terapêuticas eficazes. Nesse estudo foram caracterizados dois isolados de *P. aeruginosa* produtores de KPC, sendo o isolado HW22 obtido de urocultura e o isolado HW32 de aspirado traqueal, no ano de 2024, no Nordeste. A identificação e perfil de susceptibilidade foi realizado por meio do sistema automatizado Vitek2® e por microdiluição seguindo as padronizações do Comitê Brasileiro de Teste de Sensibilidade aos Antimicrobianos (BrCAST) e a confirmação da identificação foi realizada por MALDI-TOF. O gene codificador da carbapenemase blaKPC foi identificado por PCR. O sequenciamento de genoma completo foi realizado pela plataforma Illumina MiSeq, seguido da montagem de novo utilizando o software SPAdes 4.2.0. A anotação genômica foi conduzida por meio dos softwares BAKTA 1.12, ragtag.py e Mob-Suite 3.1.9. (Parecer ético: 7646890). O isolado HW22 apresentou um perfil de multirresistência PDR, com resistência a cefalosporinas de amplo espectro (Cefepime ≥ 32 µg/mL; Ceftazidima ≥ 64 µg/mL), Meropenem (≥ 16 µg/mL), Aztreonam (≥ 64 µg/mL), combinações de betalactâmicos/inibidores de betalactamases (Ceftolozane/Tazobactam ≥ 32 µg/mL; Ceftazidima/Avibactam ≥ 16 µg/mL e Piperacilina/Tazobactam ≥ 128 µg/mL), Amicacina (≥ 64 µg/mL), Ciprofloxacino (≥ 4 µg/mL) e Polimixina B (4 µg/mL). O isolado HW32 apresentou um perfil de multirresistência XDR, com resistência a cefalosporinas de amplo espectro (Cefepime ≥ 32 µg/mL; Ceftazidima ≥ 64 µg/mL), Meropenem (≥ 16 µg/mL), Aztreonam (≥ 64 µg/mL), Amicacina (32 µg/mL) combinações de betalactâmicos/inibidores de betalactamases (Ceftazidima/Avibactam 16 µg/mL e Piperacilina/Tazobactam ≥ 128 µg/mL) e Ciprofloxacino (≥ 4 µg/mL), sendo sensível apenas a Polimixina B (0,5 µg/mL). A análise MLST revelou que o isolado HW32 pertence ao ST3079, no entanto, o isolado HW22 apresentou uma mutação pontual em um dos sete genes (*guaA*). O ResFinder identificou determinantes de resistência adquirida no isolado HW22 a betalactâmicos (*bla*_{KPC-2}, *bla*_{GES-1}), a aminoglicosídeos

(*aac(61)-Iq*, *aph(3')-IIb*), a sulfonamidas/trimetoprima (*sul1*, *dfrA21*), a fosfomicina (*FosA*) e ao cloranfenicol (*catB7*). No isolado HW32 a betalactâmicos (*bla_{KPC-2}*), a aminoglicosídeos (*aph(3')-IIb*), a fosfomicina (*FosA*) e ao cloranfenicol (*catB7*). Além disso, os dois isolados apresentaram as betalactamases intrínsecas PDC-8 e OXA-50, além dos genes de resistência à polimixina *arnA* e *basS*. Apesar das análises pelo *PlasmidFinder* não identificarem nenhum grupo de incompatibilidade nos isolados, o contexto genético que a *bla_{KPC-2}* está associado, apresenta similaridade com o plasmídeo pPB353_1. Dessa forma, os achados reforçam a importância da vigilância genômica e microbiológica contínua para o monitoramento de clones multirresistentes, contribuindo para o fortalecimento das medidas de prevenção, controle de infecção e uso racional de antimicrobianos.

Agradecimentos: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq); Fundação de Apoio à Pesquisa do Estado da Paraíba (FAPESQ-PB).