Análise genômica e epidemiológica da resistência antimicrobiana em patógenos do trato respiratório inferior

THAINÁ INÊS LAMB[1], LUCAS LAGO BERGAMASCHI[1], LAÍSE SCHULZE[1], GIOVANA WANESSA FRANKE BOHN[1], EMILIO BERGHAHN[1], GABRIELA KAUFMANN[1], LUIS FERNANDO SARAIVA MACEDO TIMMERS[1], DAIANE HEIDRICH[1]

[1.] UNIVERSIDADE DO VALE DO TAQUARI , LAJEADO/RS, BRASIL

As infecções do trato respiratório inferior (ITRIs) representam um desafio crítico à saúde pública global, com altos índices de morbimortalidade exacerbados pela resistência antimicrobiana (RAM). Este estudo visou caracterizar o perfil epidemiológico e de suscetibilidade de isolados bacterianos provenientes de ITRIs, utilizando o sequenciamento genômico para a identificação de determinantes genéticos de resistência. Este estudo transversal prospectivo foi conduzido a partir de dados laboratoriais e isolados clínicos provenientes de um laboratório hospitalar de análises clínicas. O período de amostragem compreendeu o intervalo entre 02 de dezembro de 2024 e 02 de dezembro de 2025, incluindo pacientes de diversas faixas etárias que apresentaram culturas microbiológicas positivas para ITRIs. Para a análise molecular, selecionaram-se 13 isolados resistentes representativos das espécies de maior prevalência nas ITRIs. O DNA genômico foi extraído e submetido ao sequenciamento em plataforma Illumina, com a predição genotípica de resistência realizada por meio das ferramentas ResFinder e AMRFinder, ambas validadas para a prospecção de determinantes genéticos. Foram incluídos 138 pacientes e 174 isolados bacterianos, com predominância do sexo masculino (81/138) e maior frequência em extremos de idade, especialmente entre 60–79 anos (n=62) e menores de 1 ano (n=13). Observou-se predomínio de bactérias Gram-negativas (124/174), destacando *Pseudomonas aeruginosa* (n=36), *Klebsiella pneumoniae* (n=24) e *Acinetobacter baumannii* (n=17), além de *Staphylococcus aureus* (n=19). Os isolados identificados pertencem ao grupo de patógenos ESKAPEEc, listados pela OMS entre os microrganismos de prioridade crítica para a pesquisa e desenvolvimento de novos antimicrobianos, devido ao seu perfil de multirresistência. Quanto ao perfil de resistência, 38 isolados foram classificados como multirresistentes (MDR), 36 como extensivamente resistentes (XDR) e 9 como pan-resistentes (PDR). *P. aeruginosa* apresentou o maior número de isolados MDR (n=24) e XDR (n=11), seguida por *K. pneumoniae* entre os XDR (n=10). Todos os isolados PDR pertenciam a *A. baumannii*. Os dados fenotípicos evidenciaram produção de carbapenemases, especialmente em *A. baumannii* (n=12), *P. aeruginosa* (n=10) e *K. pneumoniae* (n=8), incluindo fenótipos de KPC e metalo-β-lactamases. Foram identificados fenótipos de β-lactamase de espectro estendido (ESBL) em *K. pneumoniae* (n=3) e *Escherichia coli* (n=3), além de 3 isolados de *S. aureus* resistentes à meticilina (MRSA). Das 13 amostras sequenciadas, os principais genes identificados incluíram: em *P. aeruginosa*, aac(6')-Ib e blaNDM, relacionados à resistência a aminoglicosídeos e carbapenêmicos, em *A. baumannii*, blaOXA-23, principal carbapenemase, além de sul1, genes disseminado em bactérias Gram-negativas e em *K. pneumoniae*, foram identificados blaTEM, blaSHV e blaKPC, associados à produção de ESBL e carbapenemases. Em *S. aureus*, o gene mecA, relacionado a resistência à meticilina - MRSA. A elevada frequência de patógenos prioritários

multirresistentes identificada neste estudo destaca a relevância estratégica da vigilância molecular. Essa abordagem é fundamental para o monitoramento contínuo da RAM e para o suporte à tomada de decisão clínica assertiva.

Agradecimentos: O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001 e do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).