



## **AVALIAÇÃO DOS MECANISMOS DE RESISTÊNCIA EM ISOLADOS DE *KLEBSIELLA PNEUMONIAE* RESISTENTES A POLIMIXINA**

**VALIENTE, Anna Carolina Miltos<sup>1</sup>** (annacarolinamiltos@gmail.com); **SANTOS, Carol Paes dos<sup>2</sup>** (carolinepaesantos@hotmail.com); **SILVA, Kesia Esther da<sup>3</sup>** (kesia.eds@gmail.com); **SIMIONATTO, Simone<sup>4</sup>** (simonesimionatto@ufgd.edu.br).

<sup>1</sup>Discente do curso de Biotecnologia da UFGD – Dourados;

<sup>2</sup>Discente do curso de Biotecnologia da UFGD – Dourados;

<sup>3</sup>Discente do Programa de Pós-Graduação em Ciências da Saúde – Dourados;

<sup>4</sup>Docente do curso de Biotecnologia da UFGD – Dourados.

O aumento de casos de infecção hospitalar causada por *Klebsiella pneumoniae* multirresistentes, constitui um grande desafio para a Saúde Pública e um problema de grandes proporções para o tratamento de pacientes hospitalizados em Unidades de Terapia Intensiva (UTIs). A identificação dos mecanismos genéticos envolvidos na resistência tem grandes implicações no aperfeiçoamento de medidas de redução e contenção da disseminação de microrganismos multirresistentes. O objetivo desse estudo foi avaliar o perfil de susceptibilidade antimicrobiana e os mecanismos de resistência em cepas de *K. pneumoniae* resistentes a polimixina. Foram isoladas cepas *K. pneumoniae* resistentes a polimixina de pacientes internados em Unidades de Terapia Intensiva (UTI) do Hospital Universitário de Dourados. A identificação das espécies bacterianas e o teste de sensibilidade antimicrobiana foram realizados usando o Vitek®2 (bioMérieux, Hazelwood, MO). Após o isolamento, o perfil de suscetibilidade foi confirmado com a avaliação das concentrações inibitórias mínimas (CIMs). A técnica da Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) foi realizada visando identificar a presença de genes de resistência e alterações dos genes codificadores de porinas OmpK35 e OmpK36. A composição da proteína da membrana externa (OMP) de *K. pneumoniae* foi analisada por SDS-PAGE, utilizando extratos de membrana de bactérias cultivadas durante a noite em caldo nutriente. Durante Setembro/2015 a Fevereiro/2017, foram isoladas 30 cepas de *K. pneumoniae* com perfil de resistência a polimixina e a todos os antimicrobianos testados. Foram identificados vários genes de resistência entre eles os que codificam os beta-lactâmicos, aminoglicosídeos, fluoroquinolonas e tetraciclina. Alterações nas proteínas OmpK35 e OmpK36 foram encontradas em quatro cepas. De acordo com os resultados do SDS-PAGE, as três cepas de *K. pneumoniae* apresentaram duas bandas, provavelmente correspondendo a OmpA e uma das principais porinas (OmpK35 ou OmpK36), sugerindo que elas perderam pelo menos uma das principais porinas. A análise de PCR dos genes codificadores de OMP mostrou amplicons alterados de pelo menos um gene principal codificador de OMP, incluindo uma falta de amplificação (quatro isolados). Com base nestes resultados obtidos, conclui-se que a identificação dos mecanismos genéticos envolvidos na resistência antimicrobiana são importantes na busca de estratégias inovadoras para o controle dessas cepas, bem como para o desenvolvimento de novas abordagens terapêuticas para o tratamento dessas infecções.

**Palavras-chave:** assistência em saúde, polimixina, *Klebsiella pneumoniae*.

**Agradecimentos:** Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), a Fundação de Apoio ao Desenvolvimento do Ensino, Ciência e Tecnologia do Estado do Mato Grosso do Sul (FUNDECT) e a Universidade Federal da Grande Dourados.