

## **Ambiente Genético de *bla*<sub>TEM-1</sub> e *bla*<sub>KPC-2</sub> em isolados de *Enterobacter aerogenes*.**

**Bruna Nunes da Silva<sup>1</sup>, Everton Gomes Damasceno<sup>1</sup>, Antônio M. Rezende<sup>2</sup>, Rodrigo S. Galhardos<sup>3</sup>, Ingrid R. Alves<sup>3</sup>, Ana Catarina S. Lopes<sup>4</sup>, Adriane B. Cabral<sup>1, 4</sup>.**

<sup>1</sup>UNCISAL, Rua Doutor Jorge de Lima, 113- Trapiche da Barra - 57010-300, Maceió-AL. E-mail: brunanunesdasilva@hotmail.com. <sup>2</sup>UFPE e Fiocruz, Av. Prof. Moraes Rego, 50670-901, Cidade Universitária, Recife-Pe. <sup>3</sup>USP, Av. Prof. Lineu Prestes, 05508-000, Butantã, São Paulo-SP.

*Enterobacter aerogenes* é um importante patógeno multidroga resistente envolvido em infecções relacionadas a assistência à saúde (IRAS). A maioria das cepas envolvidas possuem os genes *bla*<sub>TEM</sub>, *bla*<sub>CTX-M</sub> e *bla*<sub>KPC</sub> que codificam beta-lactamases de espectro estendido (ESBLs) e carbapenemases, essas são enzimas capazes de degradar o anel β-lactâmico dos antibióticos transformando-os em produtos inativos. O objetivo do presente estudo foi determinar o ambiente genético de *bla*<sub>TEM</sub> e *bla*<sub>KPC</sub> em isolados de *E. aerogenes* provenientes de infecção e colonização. Foram analisados dois isolados de *E. aerogenes* (Ea5A e Ea7A) provenientes de infecção e colonização de pacientes internados em UTI. Após extração de DNA dos isolados foi realizado o sequenciamento genômico e utilizadas diversas ferramentas de análise “*in silico*” com o objetivo de montar os genomas (cromossomo e plasmídeos). O ambiente genético de *bla*<sub>TEM</sub> e *bla*<sub>KPC</sub> foi analisado utilizando a ferramenta Artemis. Assim, foi observado que adjacente ao gene *bla*<sub>TEM-1</sub>, há a presença de genes que codificam elementos móveis além de genes que conferem resistência a aminoglicosídeos, em ambos os isolados. Em relação ao ambiente genético de *bla*<sub>KPC-2</sub> foram detectadas diferenças estruturais entre os isolados. Em Ea5A, o gene *bla*<sub>KPC-2</sub> mais transposase compõem um contig, no contig anterior encontra-se genes de elemento móvel. Em Ea7A, todos os elementos genéticos *bla*<sub>KPC-2</sub>, transposase e elemento móvel estão presentes em um mesmo contig. Não obstante disso, os genes de resistência estão circundados por genes de elementos móveis o que facilita a disseminação desses elementos de resistência em ambientes clínicos.

Palavras-chave: ambiente genético, *bla*<sub>TEM</sub>, *bla*<sub>KPC</sub>