

# **Amplo repertório de determinantes de resistência a antimicrobianos detectados através de sequenciamento genômico em *Enterobacter aerogenes* provenientes de colonização e infecção**

**Ellen C. S. Bezerra<sup>1</sup>, Vitória R. L. Ferreira<sup>1</sup>, Antônio M. Rezende<sup>2</sup>, Rodrigo S. Galhardo<sup>3</sup>, Ingrid R. Alves<sup>3</sup>, Ana C. S. Lopes<sup>4</sup>, Adriane B. Cabral<sup>1, 4</sup>.**

*1*UNCISAL, Campus Governador Lamenha Filho  
Rua Doutor Jorge de Lima, 113 - Trapiche da Barra - 57010-300 - Maceió/AL. E-mail: [ellencarolyna.silva@gmail.com](mailto:ellencarolyna.silva@gmail.com). *2*-4UFPE e Fiocruz, Av. Prof. Moraes Rego, 50670-901, Cidade Universitária, Recife-PE. *3*USP, Av. Prof. Lineu Prestes, 05508-000, Butantã, São Paulo-SP.

*Enterobacter aerogenes* é responsável por infecções relacionadas à assistência de saúde especialmente infecção respiratória e urinária, atualmente destaca-se como patógenos multidrogas resistentes às classes mais utilizadas na prática clínica principalmente a beta-lactâmicos. Este trabalho tem como objetivo: Identificar genes de resistência a beta-lactâmicos e outras classes usadas na prática clínica em isolados de *E. aerogenes* através do sequenciamento genômico e comparar esses isolados quanto a resistência. Foram utilizados 2 isolados de *E. aerogenes* provenientes de infecção e colonização de pacientes internos 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 identificar os genes alvos. Considerando o DNA cromossômico e plasmidial, foram detectados 12 genes de resistência a beta-lactâmicos em ambos os isolados, dentre esses *bla*<sub>TEM-1</sub> e *bla*<sub>KPC-2</sub>. Em relação às outras classes de antimicrobianos foram detectados no isolado de colonização: 6 genes de resistência a aminoglicosídeos, 1 a cloranfenicol, 1 a sulfonamida, 4 a trimetoprim, 2 a macrolídeos, 1 a fosfomicina, 5 a polimixina no DNA cromossômico e 1 a aminoglicosídeos, 1 a sulfonamida no DNA plasmidial. No isolado de infecção: 5 genes de resistência a aminoglicosídeos, 1 a cloranfenicol, 3 a sulfonamida, 4 a trimetoprim, 2 a macrolídeos, 1 a fosfomicina, 5 a polimixina no DNA cromossômico e 1 a aminoglicosídeos, 1 a sulfonamida no DNA plasmidial. É importante ressaltar a diferença quanto ao número de genes de resistência no cromossomo de isolado de colonização (20 genes) e de infecção (21 genes). O amplo repertório de determinantes de resistência aos antimicrobianos mais utilizados na prática clínica detectado no presente estudo dificulta o tratamento das infecções causadas por essas bactérias, desse modo esses resultados devem servir de alerta as autoridades médicas quanto a esta problemática.

**Palavras-chave:** *Enterobacter aerogenes*, resistência, sequenciamento genômico.