

Sequenciamento completo de plasmídeo que carrega *bla*_{CTX-M-8} de *Klebsiella pneumoniae* multirresistente

Maria Fernanda C. Bueno^{1,2}; Gabriela R. Francisco^{1,2}; Louise T. Cerdeira³; Susan lenne⁴; Tiago A. Souza⁴; Nilton Lincopan³; Doroti de Oliveira Garcia^{1,2}

¹Instituto Adolfo Lutz – Centro de Bacteriologia, São Paulo, SP, Brasil. Email: dogarcia@yahoo.com ²Programa de Pós-Graduação em Ciências. Centro de Controle de Doenças (CCD)- Secretaria de Saúde do Estado de São Paulo, Brasil. ³Universidade de São Paulo (USP), Instituto de Ciências Biomédicas - Departamento de Microbiologia, São Paulo, SP, Brasil ⁴Centro de Facilidades de Apoio à Pesquisa (CEFAP-USP/GENIAL) – Universidade de São Paulo (USP)

Klebsiella pneumoniae produtora de ESBL estão envolvidas em IRAS. ESBL são capazes de hidrolisar todas as penicilinas, cefalosporinas de amplo espectro e aztreonam. A CTX-M-8 foi descrita no Brasil em 2000 e desde então já foi detectada em diferentes espécies. O objetivo do estudo foi sequenciar o plasmídeo que carrega o *bla*_{CTX-M-8} de *K. pneumoniae* 145/11 multirresistente de um hospital do Estado de São Paulo. O plasmídeo foi obtido a partir de uma *E. coli* DH10B transformada. A biblioteca genômica foi feita com o kit Nextera XT e o sequenciamento completo do plasmídeo foi realizado pela plataforma Illumina Miseq com cobertura de 10323 x. A montagem *denovo* foi realizada pelo software Geneious v9.1.3. Inicialmente foi feita anotação pelo servidor RAST seguido de curadoria manual através do BLAST. A sequência do pKp145/11b foi depositada no GenBank com o número de acesso KX118608. pKp145/11b tem 68582pb contendo 99 genes e pertence ao IncL/M. A região de transferência é composta por 16 genes *tra* (C,H-R,U,W-Y) e 4 *trb* (A-C,N). Possui os genes *parB,M* e *pemI,K* envolvidos na estabilidade do plasmídeo na conjugação. Possui os genes de resistência antimicrobiana *bla*_{TEM-1A} uma β -lactamase de espectro restrito, *bla*_{OXA-9}, uma oxacilinase-carbenicilinase, e *bla*_{CTX-M-8}, uma ESBL. Também carregam os genes *aac(6')-Ib* e *ant(3'')-Ia*, responsáveis pela resistência aos aminoglicosídeos, e o gene *qnr*, que confere resistência às fluoroquinolonas. A presença de genes que conferem resistência a diferentes classes de antimicrobianos dentro de um mesmo plasmídeo mostra a facilidade de aquisição desses genes por transferência horizontal no ambiente hospitalar. A disseminação de plasmídeos multirresistentes é preocupante, pois limita as opções terapêuticas e o sequenciamento completo desses plasmídeos é uma ferramenta importante na detecção desses genes.

Palavras-chave: *K. pneumoniae*, CTX-M-8, multirresistência

Apoio: Este projeto foi financiado pela Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP)