

Sequenciamento completo de plasmídeo que carrega *bla*_{KPC-2} de *Klebsiella pneumoniae* ST437 isolada de rio urbano

Gabriela R. Francisco^{1,2}; Maria Fernanda C. Bueno^{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 produtoras de KPC-2 e pertencentes ao ST437 são consideradas predominantes no Brasil. Este ST também foi relatado na água dos rios da cidade de São Paulo, Tietê e Pinheiros, demonstrando a disseminação desses micro-organismos fora do ambiente hospitalar. O objetivo do estudo foi sequenciar o plasmídeo que carrega o *bla*_{KPC-2} de *K. pneumoniae* KP148, PINH-4900 ST437 isolada do Rio Pinheiros. O plasmídeo foi extraído da cepa transformada *E. coli* DH10B, a biblioteca genômica foi construída com o Kit Nextera XT e o sequenciamento foi realizado pela plataforma Illumina Miseq com cobertura de 17303 x, a montagem foi realizada pelo software Geneious v9.1.3. A anotação foi realizada pelo servidor RAST e posteriormente foi realizada a curadoria manual através do BLAST. O Easy Fig 2.0 foi utilizado para mapear a região do Tn4401. A sequência completa do plasmídeo pKP148, PINH-4900(1) foi depositada no GenBank com o número de acesso KX062091. pKP148, PINH-4900(1) tem 52536 pb contendo 68 genes. Este plasmídeo foi classificado como IncN, composto por 14 genes *tra* (A-G, I-O) compreendendo a região de transferência. A estabilidade durante a conjugação é conferida pelos genes *stbA,B,C*. O *bla*_{KPC-2} está flanqueado pelas ISKpn7 e ISKpn6 e inserido no transposon Tn4401 isoforma b. O Tn4401b está bem caracterizado no ambiente hospitalar e a presença do *bla*_{KPC-2} já foi observada no meio ambiente. No pKP148, PINH-4900(1) a estrutura do Tn4401 se manteve como as descritas em isolados clínicos. Isso leva a uma preocupação sobre como são feitos o tratamento e o despejo desse tipo de efluente, e se os hospitais têm algum tipo de plano para evitar a circulação de micro-organismos multirresistentes no meio ambiente. O sequenciamento completo de plasmídeo obtidos do meio ambiente contribui para melhor entendimento da evolução da resistência antimicrobiana além do ambiente hospitalar.

Palavras-chave: *K. pneumoniae*, ST437, meio ambiente

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