

Fatores de virulência de *Enterobacter aerogenes* positivos para *bla*_{KPC-2} detectados através de sequenciamento genômico procedentes de colonização e infecção de pacientes de UTI

Everton Gomes Damasceno¹, Bruna Nunes da Silva¹, Antônio M. Rezende², Rodrigo S. Galhardo³, Ingrid R. Alves³, Ana Catarina S. Lopes⁴, Adriane B. Cabral^{1, 4}.

1UNCISAL, Rua Doutor Jorge de Lima, 113- Trapiche da Barra - 57010-300, Maceió-AL. E-mail: evertongomesdamasceno@gmail.com. 2-4UFPE e Fiocruz, Av. Prof. Moraes Rego, 50670-901, Cidade Universitária, Recife-Pe. 3USP, Av. Prof. Lineu Prestes, 05508-000, Butantã, São Paulo-SP.

Atualmente existem inúmeros patógenos multidrogas resistentes presentes em ambientes hospitalares, um deles é *Enterobacter aerogenes*, que possui mecanismos que favorecem a colonização e estabelecimento da infecção. Nos últimos anos, isolados produtores de *Klebsiella pneumoniae* carbapenemase (KPC) representam o grande desafio na prática clínica. Portanto, este trabalho tem como objetivo analisar e comparar os mecanismos de virulência presentes em isolados de *E. aerogenes*, com enfoque em adesinas fimbriais, sideróforos, cápsulas e biofilmes, detectados através de sequenciamento genômico. Foram utilizados dois isolados de *E. aerogenes* MDR (Ea5A e Ea7A) *bla*_{KPC-2} positivos, com Ea5A proveniente de colonização (swab retal) e Ea7A proveniente de infecção (sangue), ambos coletados de pacientes internados em UTI de um hospital público de Recife- PE. Após extração de DNA dos isolados foi realizado o sequenciamento genômico. Foram detectados 30 genes de sideróforos, 58 genes de adesinas fimbriais, 14 genes relacionados à formação de biofilmes e 9 genes pertencentes a constituição de cápsulas no isolado de colonização (Ea5A), valores idênticos foram obtidos no isolado de infecção (Ea7A). Dentre esses genes foram detectados: enterobactina (*ent*), yersiniabactina (*irp*), fímbrias do tipo I (*fim*) e fímbrias do tipo IV (*pil*). O aprofundamento de estudos relacionados a fatores de virulência para *E. aerogenes*, torna-se cada vez mais relevante, pois com os resultados obtidos nessa análise, podemos entender os mecanismos utilizados para a colonização e estabelecimento da infecção em seres humanos. Dentre os resultados obtidos, merece destaque a quantidade e variedade de genes de virulência detectados no isolado de colonização, o que pode contribuir para o estabelecimento de infecção por este isolado. Diante dos escassos relatos na literatura que focam *E. aerogenes*, esses resultados contribuem para um melhor conhecimento sobre esse patógeno envolvido em colonização e infecção.

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