Análise de mecanismos moleculares de resistência antimicrobiana em cepas de *Pseudomonas aeruginosa* isoladas em unidades de tratamento intensivo

**Vanda S. Q. Dini^a, Fernanda de A. Batalha^b, João Victor de M. Verçosa^b,
Paula Taquita Serra^b, Diogo Pereira de Castro^b, Adolfo José da Mota^a,
Patrícia P. Orlandi^b**

^aUniversidade Federal do Amazonas, Avenida General Rodrigo Otávio, S/N - Coroado, 69067-005, Manaus - AM.

^bLaboratório Geral de Biodiversidade – Instituto Leônidas e Maria Deane (ILMD-FIOCRUZ Amazônia), Rua Teresina, 476, Adrianópolis, CEP: 69057-070 - Manaus/AM

Pseudomonas aeruginosa MDR (*multi-drug-resistance*) é causa comum de infecção hospitalar, acometendo principalmente àqueles internados em Unidade de Tratamento Intensivo (UTI), o que dificulta ou até mesmo inviabiliza as opções terapêuticas. O objetivo desse trabalho foi isolar cepas de *P. aeruginosa* a partir de pacientes, profissionais e estrutura de UTI de diferentes hospitais de Manaus, e assim determinar os fenótipos de resistência, para então associar aos mecanismos de resistência conferidos pela presença de integrons (elementos genéticos capazes de capturar e expressar genes de resistências contidos em elementos móveis), cassetes gênicos e β -lactmases. Também foi verificado a presença de disseminação clonal entre os isolados estudados. A partir das diferentes amostras obtidas, foram isoladas e analisadas 83 cepas *P. aeruginosa*. Através do método de disco de difusão determinou-se o perfil de suscetibilidade antimicrobiana dos isolados estudados, classificando-os como não resistentes (n-MDR), multirresistentes (MDR) e panresistentes (PDR). A presença de integrons, cassetes gênicos e β -lactmases foi detectada por PCR. As diferentes classes de integrons e de cassetes gênicos foram analisadas através de RFLP. Os cassetes gênicos e as β -lactmases encontradas foram identificadas por sequenciamento. O fenótipo de MDR foi observado em 11 (13,3%) isolados e apenas 1 (1,2%) apresentou o fenótipo de PDR. Em 31 (37,3%) isolados foi detectado a presença de integron de classe 1, ainda 2 (2,4%) desses isolados também apresentaram integron de classe 2. Dos isolados contendo integrons, 18 (58,1%) carregam cassetes gênicos. A pesquisa de β -lactmases revelou que 4 (36,4%) isolados apresentaram o gene *bla_{KPC-2}*, 1 (8,3%) isolado apresentou o gene *bla_{VIM-2,-3,-6,-8,-9,-10,-11,-18}* e 11 (91,7%) isolados apresentaram a produção de OXA-50. Três grupos clonais foram detectados e tiveram relação com a presença de integrons, produção de carbapenemases e fenótipos de resistência.

Palavras-chaves: *P. aeruginosa*, Multiressistência, integrons, cassetes gênicos, β -lactmases.

Apoio: Fundação de Amparo à Pesquisa da Amazônia - FAPEAM