

AVALIAÇÃO DA SIMILARIDADE GENÉTICA DE ISOLADOS DE *ACINETOBACTER BAUMANNII* RESISTENTES A POLIMIXINA B RECUPERADOS DE PACIENTES HOSPITALIZADOS EM UM HOSPITAL DE ENSINO

Camila Lourenço da Silva (PIBIC/CNPq/FA/Uem); Monica de Souza Ferreira de Mattos; Evelyn Priscilla Fregni da Silva Ryal; Nathalie Kira Tamura; Hilton Vizzi Martinez; Alessandra Tenório Costa (Coorientador); Maria Cristina Bronharo Tognim (Orientador). E-mail: mcbtognim@uem.br.

Universidade Estadual de Maringá, Centro de Ciências Biológicas, Maringá, PR.

Área e subárea do conhecimento: Microbiologia / Microbiologia Aplicada

Palavras-chave: *Acinetobacter baumannii*; resistência à polimixina B; similaridade genética.

RESUMO

Acinetobacter baumannii é um importante patógeno multirresistente aos antibacterianos representando sérias ameaças nos ambientes de saúde. O aumento da produção de carbapenemases entre bacilos Gram-negativos levou ao uso frequente da polimixina B como alternativa terapêutica, porém relatos de resistência a esse fármaco têm sido cada vez mais comuns, reduzindo ainda mais as opções disponíveis. O presente estudo tem como objetivo avaliar a variabilidade genética de isolados de *A. baumannii* resistentes à polimixina B obtidos de pacientes internados em um hospital de ensino, contribuindo para o entendimento de sua disseminação. A metodologia empregada será a tipagem molecular pela técnica de *Enterobacterial Repetitive Intergenic Consensus* (ERIC-PCR), capaz de identificar perfis genéticos e relações clonais entre os isolados, e uso do *software BioNumerics* para análise e formação de dendrograma. Foram selecionados 15 isolados de *A. baumannii* para o estudo, sendo 8 de amostras clínicas (5 de aspirado traqueal e 3 de hemocultura), e 7 de vigilância, como observados na Tabela 1. Para a tipagem molecular, havia 6 *clusters* em disseminação no hospital, incluindo *clusters* com isolados tanto clínicos quanto de vigilância, sugerindo possível transmissão cruzada no ambiente hospitalar. Conclui-se que a análise molecular de isolados resistentes à polimixina B é essencial para orientar vigilância e controle da resistência antimicrobiana.

INTRODUÇÃO

As infecções hospitalares estão aumentando e representam uma causa substancial de ônus clínico e financeiro para os sistemas de saúde. Embora o controle de infecções desempenhe um papel importante na redução da disseminação de organismos causadores de surtos, ele nem sempre é bem-sucedido (WEINBERG et al., 2020). As infecções hospitalares causadas por *Acinetobacter baumannii* têm se

tornado uma preocupação crescente para a saúde pública, especialmente devido à sua elevada plasticidade genômica e à capacidade de desenvolver múltipla resistência a diversos antimicrobianos, incluindo às polimixinas, que representam uma das últimas opções terapêuticas disponíveis (NISHIDA; ONO, 2025; AYOUB MOUBARECK; PEARL; ANBARASU, 2025). A Organização Mundial da Saúde reconhece *A. baumannii* como patógeno prioritário crítico para o desenvolvimento de novos antimicrobianos, reforçando a necessidade de vigilância epidemiológica e estudos voltados ao seu comportamento e mecanismos de resistência. Nesse contexto, este trabalho tem como objetivo avaliar a variabilidade genética de isolados de *A. baumannii* resistentes à polimixina B, recuperados de pacientes internados em um hospital de ensino, fundamentada em conceitos de resistência antimicrobiana e biologia molecular,

MATERIAIS E MÉTODOS

A investigação foi conduzida a partir de amostras coletadas no Hospital Universitário Regional de Maringá (HUM), utilizando dados provenientes do Sistema de Gestão da Assistência de Saúde do Sistema Único de Saúde (GSUS). A identificação dos isolados clínicos e a determinação do perfil de sensibilidade aos antimicrobianos foram realizadas por meio do sistema automatizado BD-Phoenix™, disponível no Laboratório de Análises Clínicas do HUM (LAC/HUM). Como critério de seleção, foram considerados apenas os isolados de *Acinetobacter baumannii* resistentes à polimixina B, totalizando quinze amostras viáveis, que avançaram para a análise genética proposta no estudo. A tipagem molecular foi realizada por meio de *Enterobacterial Repetitive Intergenic Consensus* (ERIC-PCR), com análise realizada no *software BioNumerics* versão 6.5 (Applied Maths, Saint-Martens-Latem, Belgium) para diferenciação genética e construção do dendrograma. Isolados com coeficiente de DICE >93% foram considerados do mesmo cluster.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Foram selecionados um total de 15 isolados para serem tipificados por ERIC-PCR, com as características dos isolados estando na Tabela 1.

Tabela 1. Características dos isolados de *Acinetobacter baumannii* resistentes à polimixina B incluídos na análise de similaridade genética.

Isolado	Data de Coleta	Sítio de isolamento
Ac 524	08/05/2021	Aspirado Traqueal
Ac 543	16/02/2022	Aspirado Traqueal
Ac 612	30/08/2022	Hemocultura
Ac 617	15/9/2022	Aspirado Traqueal
Ac 620	11/10/2022	Hemocultura
Ac 621	11/10/2022	Aspirado Traqueal
Ac 627	19/11/2022	Aspirado Traqueal
Ac 644	26/08/2023	Hemocultura

VIGI 840	15/01/2021	Swab de vigilância
VIGI 1913	30/09/2022	Swab de vigilância
VIGI 1956	24/10/2022	Swab de vigilância
VIGI 2601	18/04/2024	Swab de vigilância
VIGI 2633	02/05/2024	Swab de vigilância
VIGI 2643	10/05/2024	Swab de vigilância
VIGI 2669	23/05/2024	Swab de vigilância

Swab de vigilância: Swab coletado para vigilância epidemiológica

A análise de similaridade genética dos 15 isolados de *Acinetobacter baumannii* resistentes à polimixina B revelou a formação de agrupamentos distintos no dendrograma gerado pela técnica ERIC-PCR. Os isolados clínicos (Ac 524, 543, 612, 617, 620, 621, 627, 644) e aqueles obtidos de vigilância epidemiológica (VIGI 840, 1913, 1956, 2601, 2633, 2643, 2669) apresentaram coeficientes de similaridade variando entre 59,9% e 94,1% (Figura 1).

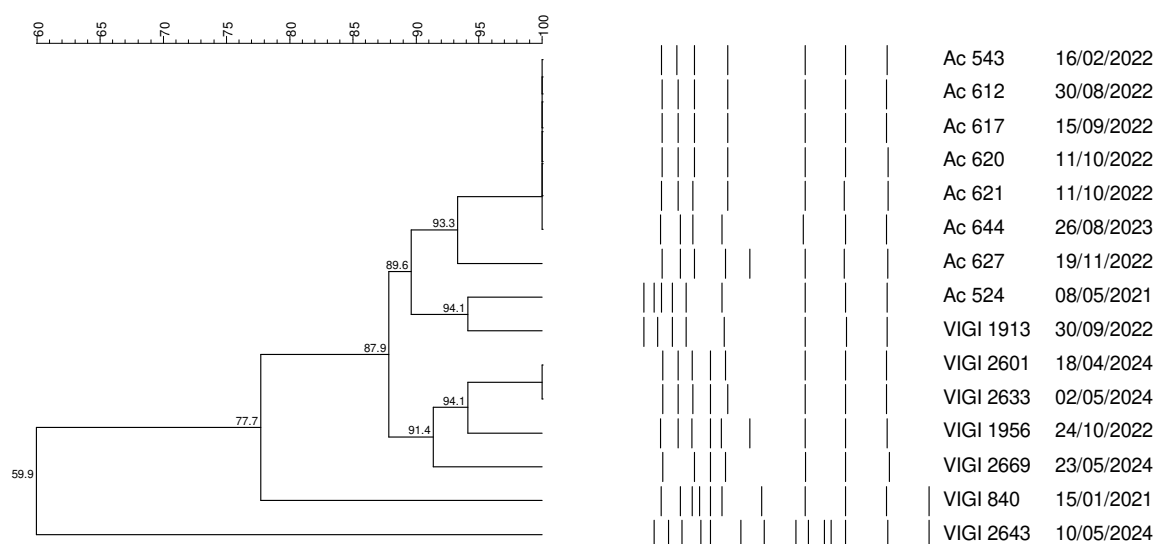


Figura 1. Dendrograma dos isolados de *Acinetobacter baumannii*

Os resultados demonstraram a presença de pelo menos três grandes clusters com alta similaridade genética (>93%), sugerindo possível relação clonal entre determinados isolados, especialmente entre aqueles coletados em períodos próximos e em ambientes hospitalares semelhantes. Por outro lado, alguns isolados apresentaram menor similaridade (<80%), o que pode indicar diferentes origens epidemiológicas ou aquisição independente de resistência à polimixina B (TANG et al., 2023). A presença de isolados geneticamente similares tanto em amostras clínicas quanto de vigilância sugere possível transmissão cruzada entre pacientes e o ambiente hospitalar, ressaltando a importância de medidas efetivas de controle de infecção. Comparando com estudos prévios, a diversidade genética encontrada reforça que, embora alguns clones se disseminem amplamente em hospitais, múltiplas linhagens podem coexistir, tornando o controle epidemiológico mais desafiador (TANG et al., 2023). Esse cenário destaca a importância da vigilância

microbiológica contínua e de estratégias rigorosas de prevenção e controle de infecções, a fim de reduzir a disseminação de bactérias multirresistentes no ambiente hospitalar.

CONCLUSÕES

Os isolados de *Acinetobacter baumannii* resistentes à polimixina B apresentaram diferentes graus de similaridade genética, formando clusters que indicam possível disseminação clonal em alguns casos, reforçando a necessidade de vigilância contínua e medidas rigorosas de controle hospitalar.

AGRADECIMENTOS

Agradeço à Fundação Araucária pelo patrocínio para realização deste estudo.

REFERÊNCIAS

AYOUB MOUBARECK, C.; HAMMOUDI HALAT, D. Insights into *Acinetobacter baumannii*: A Review of Microbiological, Virulence, and Resistance Traits in a Threatening Nosocomial Pathogen. *Antibiotics*, v. 9, n. 3, p. 119, 12 mar. 2020. Disponível em: <http://doi.org/10.3390/antibiotics9030119>. Acesso em 25 julho 2025.

NISHIDA, S.; ONO, Y. Genomic plasticity of extensively drug-resistant and multidrug-resistant *Acinetobacter baumannii* ST208 isolates from a fatal outbreak. *Journal of Infection and Public Health*, p. 102739–102739, 1 mar. 2025. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.jiph.2025.102739>. Acesso em: 25 julho 2025.

PEARL, S.; ANAND ANBARASU. Genomic landscape of nosocomial *Acinetobacter baumannii*: A comprehensive analysis of the resistome, virulome, and mobilome. *Scientific Reports*, v. 15, n. 1, 25 maio 2025. Disponível em: : <https://doi.org/10.1038/s41598-025-03246-7>. Acesso em 24 julho 2025.

TANG, M. et al. Clonal transmission of polymyxin B-resistant hypervirulent *Klebsiella pneumoniae* isolates coharboring blaNDM-1 and blaKPC-2 in a tertiary hospital in China. *BMC Microbiology*, v. 23, n. 1, 7 mar. 2023. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/s12866-023-02808> . Acesso em 25 julho 2025.

WEINBERG, S. E. et al. Control and management of multidrug resistant *Acinetobacter baumannii*: A review of the evidence and proposal of novel approaches. *Infection Prevention in Practice*, v. 2, n. 3, p. 100077, 19 jul. 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.infpip.2020.100077>. Acesso em: 25 julho 2025.