

# LIVRO DE RESUMOS



DÉCIMA PRIMEIRA SEMANA DA  
GRADUAÇÃO E PÓS-GRADUAÇÃO DO  
INSTITUTO DE FÍSICA DE SÃO CARLOS - USP

## 2021



Universidade de São Paulo  
Instituto de Física de São Carlos

XI Semana Integrada do Instituto de  
Física de São Carlos

Livro de Resumos

São Carlos  
2021

# Semana Integrada do Instituto de Física de São Carlos

SIFSC 11

## Coordenadores

Prof. Dr. Vanderlei Salvador Bagnato

Diretor do Instituto de Física de São Carlos – Universidade de São Paulo

Prof. Dr. Luiz Vitor de Souza Filho

Presidente da Comissão de Pós Graduação do Instituto de Física de São Carlos – Universidade de São Paulo

Prof. Dr. Luís Gustavo Marcassa

Presidente da Comissão de Graduação do Instituto de Física de São Carlos – Universidade de São Paulo

## Comissão Organizadora

Arthur Deponte Zutião

Artur Barbedo

Beatriz Kimie de Souza Ito

Beatriz Souza Castro

Carolina Salgado do Nascimento

Edgard Macena Cabral

Fernando Camargo Soares

Gabriel dos Reis Trindade

Gabriel dos Santos Araujo Pinto

Gabriel Henrique Armando Jorge

Giovanna Costa Villefort

Inara Yasmin Donda Acosta

Humberto Ribeiro de Souza

João Hiroyuki de Melo Inagaki

Kelly Naomi Matsui

Leonardo da Cruz Rea

Letícia Cerqueira Vasconcelos

Natália Carvalho Santos

Nickolas Pietro Donato Cerioni

Vinícius Pereira Pinto

## Normalização e revisão – SBI/IFSC

Ana Mara Marques da Cunha Prado

Maria Cristina Cavarette Dziabas

Maria Neusa de Aguiar Azevedo

Sabrina di Salvo Mastrantonio

Ficha catalográfica elaborada pelo Serviço de Informação do IFSC

Semana Integrada do Instituto de Física de São Carlos  
(11: 06 set. - 10 set. : 2021: São Carlos, SP.)  
Livro de resumos da XI Semana Integrada do Instituto de Física de São Carlos/ Organizado por João H. Melo Inagaki [et al.].  
São Carlos: IFSC, 2021.

412 p.

Texto em português.

1. Física. I. Inagaki, João H. de Melo, org. II. Título

ISBN 978-65-993449-3-0

CDD 530

## PG6

**Elementos genéticos móveis envolvidos na transferência do gene *blaKPC* em bactérias gram-negativas de origem clínica**BORALLI, C. M. S.<sup>1</sup>; CAMARGO, I. L. B. C.<sup>1</sup>; SILVA, G. V.<sup>2</sup>; HUANAMBAL, P.<sup>1</sup>; RIOS, A. L. V.<sup>3</sup>

camila.boralli@gmail.com

<sup>1</sup>Instituto de Física de São Carlos - USP<sup>2</sup>UNIP<sup>3</sup>Universidade Federal de São Carlos - UFSCar

A resistência aos antibióticos é uma grande ameaça em todo o mundo. Infecções estão cada vez mais difíceis de serem tratadas, à medida que os antibióticos se tornam menos eficazes. Atualmente, os  $\beta$ -lactâmicos são a classe de agentes antibacterianos mais utilizada e agem interrompendo a formação da parede celular bacteriana. Dentre as  $\beta$ -lactamases, as carbapenemases são enzimas com o maior espectro/potencial de degradação dos  $\beta$ -lactâmicos e recebem esse nome por conferirem resistência aos carbapenêmicos. Gene *blaKPC* (beta-lactamase *Klebsiella pneumoniae* carbapenemase) codifica uma serina-carbapenemase que vem sendo descrita em várias Enterobacterales. (1) Esse gene foi descrito, primeiramente, no transposon Tn4401, ambiente genético ao qual se atribui a mobilidade do gene. Porém, cada vez mais são relatados casos deste gene em outros ambientes genéticos, denominados *non-Tn4401 element containing blaKPC* (NTEKPC). (2-3) Essa variedade de ambientes genéticos pode ser encontrada em diferentes plasmídeos e o impacto desta mudança de ambiente genético e de plasmídeo na disseminação deste gene de resistência segue sem maiores elucidações. Assim, nosso objetivo é analisar bactérias gram-negativas que contenham gene *blaKPC* isoladas de infecções de pacientes hospitalizados para caracterizar novos NTEKPC, bem como a diversidade de plasmídeos que os abrigam. Posteriormente, avaliaremos o impacto destes plasmídeos em diferentes espécies bacterianas. As bactérias deste estudo pertencem a diversas espécies e são provenientes de 4 hospitais do Brasil. Até o momento, 68 das 215 (32%) amostras bacterianas resistentes aos carbapenêmicos estudadas apresentaram o gene *blaKPC*. Em seguida, investigamos o ambiente genético que carrega o gene *blaKPC* por reações de PCR com primers específicos para Tn4401 e para um NTEKPC identificado anteriormente pelo nosso grupo em um isolado clínico de Manaus. A presença do Tn4401 foi identificada em 15% das amostras *blaKPC* positivas (10/68), porém o NTEKPC descrito em Manaus não foi encontrado em nenhuma amostra. Vale ressaltar que em cada hospital observamos frequências diferentes para presença do gene no Tn4401. Em seguida, tipamos as amostras *blaKPC* positivas de cada espécie contendo NTEKPC pela macrorrestrrição do DNA genômico seguida de Eletroforese em Gel por Campo Pulsado (PFGE) para identificação de populações clonais e análises de similaridade genética. Dentre as populações clonais detectadas, selecionamos 58 isolados bacterianos representantes e iniciamos ensaios de conjugação em *E. coli* J53 e dois isolados clínicos de *K. pneumoniae*: AMKP36 e AMKP32. Até o momento, foi possível obter transconjugantes de 5 amostras clínicas. O próximo passo será sequenciar o genoma de todos os isolados pela tecnologia *Nanopore*, para conhecer os ambientes genéticos e plasmídeos que abrigam o gene *blaKPC*. A partir das análises desses genomas, selecionaremos uma variedade de bactérias para caracterizar seus plasmídeos quanto a estabilidade, taxas de conjugação, replicação e transcrição, bem como verificar o impacto da presença do plasmídeo no metabolismo de bactérias de diferentes espécies para compreender a dinâmica da disseminação da resistência bacteriana aos carbapenêmicos.

**Palavras-chave:** BlaKPC. Carbapenemase. Tn4401. NTEKPC.

**Referências:**

- 1 ANDRADE, L. N.; DARINI, A. L. C. Bacilos gram-negativos produtores de beta-lactamases: que blablabla é esse? **Journal of Infection Control**, v. 6, n. 1, p. 16-25, 2017.
- 2 NASS, T. *et al.*. Genetic structures at origin of acquisition of the  $\beta$ -Lactamase blaKPC gene. **Anti-microbial Agents and Chemotherapy**, v. 52, n. 4, p. 1257-1263, 2008.
- 3 CHEN, L. *et al.* Carbapenemase-producing *Klebsiella pneumoniae*: molecular and genetic decoding. **Trends in Microbiology**, v. 22, n. 12, p. 686-696, 2014.