

ANÁLISE E CORRELAÇÃO *IN SILICO* DE MECANISMOS DE RESISTÊNCIA A ANTIBIÓTICOS E SISTEMAS CRISPR-CAS EM *Klebsiella pneumoniae* SUBSP. *pneumoniae*

TEIXEIRA P. S.^{1*}; VIEIRA H. S.²; ABURJAILE, F. F.²; CRISPIM J. S.¹;

¹Setor de Biologia, Colégio Técnico da Universidade Federal de Minas Gerais, Campus Pampulha, Belo Horizonte, MG

²Escola de Veterinária da Universidade Federal de Minas Gerais, Campus Pampulha, Belo Horizonte, MG

*E-mail: palomateixeira2101@gmail.com.br

A resistência antimicrobiana representa um dos principais desafios da saúde pública global, especialmente em patógenos oportunistas como *Klebsiella pneumoniae* subsp. *pneumoniae*. Essa espécie é amplamente associada a infecções hospitalares graves e apresenta grande capacidade de adquirir genes de resistência por meio de elementos genéticos móveis. Nesse contexto, o sistema CRISPR-Cas, mecanismo de defesa bacteriana contra DNA exógeno, pode influenciar a aquisição e manutenção de genes de resistência, embora sua função em *K. pneumoniae* ainda seja pouco compreendida. O presente estudo teve como objetivo analisar, *in silico*, o sistema CRISPR-Cas em genomas de *K. pneumoniae* subsp. *pneumoniae*, buscando compreender sua relação com características genômicas associadas à resistência antimicrobiana e ampliar o entendimento sobre a dinâmica de patógenos multirresistentes, fornecendo subsídios para o desenvolvimento de estratégias terapêuticas, diagnósticas e de vigilância. Foram analisados 188 genomas completos disponíveis no NCBI, utilizando as ferramentas CRISPRCasFinder para identificação e classificação dos sistemas CRISPR-Cas e CARD para caracterização dos genes de resistência. Os resultados revelaram que 92,5% dos genomas possuem plasmídeos e que todos contêm genes de resistência (2.480 genes) localizados majoritariamente em plasmídeos (57,7%). Sistemas CRISPR-Cas foram identificados em 98,9% dos genomas, localizados principalmente no cromossomo, sendo 71,3% deles classificados como inativos e 27,7% com atividade putativa (subtipo I-E). Não foi observada correlação significativa entre a presença de arranjos e espaçadores dos sistemas CRISPR-Cas e o número de genes de resistência totais nem plasmidiais, enquanto o número de plasmídeos correlacionou-se positivamente com o número de genes resistentes ($p < 0,001$). Portanto, embora amplamente distribuído, o sistema CRISPR-Cas parece ter atividade limitada nas linhagens analisadas, indicando não restringir a aquisição de plasmídeos e genes de resistência. Esses achados reforçam o papel central dos plasmídeos na disseminação da resistência antimicrobiana e sugerem interações multifatoriais a serem exploradas em estudos futuros.

Apoio financeiro: CNPq (PIBIC - 04/2025)
Palavras-chave: plasmídeos; infecções hospitalares; multirresistência; bioinformática; genômica comparativa.