



## XII SIMPÓSIO DE MICROBIOLOGIA DA UFMG

### Microbiologia Translacional

03 a 05 de Dezembro de 2025

Belo Horizonte, Minas Gerais, Brasil



## IDENTIFICAÇÃO, PERFIL DE SUSCEPTIBILIDADE ANTIMICROBIANA E ENSAIOS DE VIRULÊNCIA DO PRIMEIRO ISOLADO MULTIRRESISTENTE DE *CORYNEBACTERIUM HESSEAE* NO BRASIL PROVENIENTE DE HEMOCULTURA

LANA L. F.<sup>1\*</sup>; ARAUJO M. R. B.<sup>1,2</sup>; CASTRO D. L. C.<sup>1</sup>; ALFREDOVICH G. A.<sup>1</sup>; RODRIGUES E. B.<sup>1,2</sup>; COSTA V. D. C.<sup>1</sup>; RIBEIRO R. A.<sup>1</sup>; RODRIGUES M. L. C.<sup>1</sup>; AZEVEDO V.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Genética, Ecologia e Evolução, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brasil;

<sup>2</sup>Núcleo Técnico Operacional, Microbiologia, Instituto Hermes Pardini, Vespasiano, Minas Gerais, Brasil.

\*E-mail: luan.lana@hotmail.com

Espécies não-diftéricas do gênero *Corynebacterium* têm emergido como patógenos oportunistas em infecções nosocomiais, embora seus mecanismos de resistência e virulência ainda sejam pouco compreendidos. Este estudo descreve o primeiro caso de infecção sistêmica causada por *Corynebacterium hesseae* em um paciente idoso do Centro-Oeste do Brasil, com isolamento a partir de hemocultura. As amostras sanguíneas foram processadas em sistema automatizado BACT/ALERT® 3D, com crescimento de colônias mucoides e não-hemolíticas em ágar-sangue. A identificação inicial por MALDI-TOF MS indicou *C. aurimucosum* (99%), mas análises genômicas confirmaram *C. hesseae* (ANI 96,36%; dDDH 84,9%). O antibiograma revelou perfil multirresistente, com resistência a penicilina, clindamicina, ciprofloxacina e tetraciclina, mantendo suscetibilidade à vancomicina e linezolida. Genes de resistência foram identificados para aminoglicosídeos (*aph(3')*-Ia, *aph(6)*-Id), macrolídeos (*ermX*), tetraciclina (*tetA*, *tetW*) e cloranfenicol (*cmx*), além de uma substituição S89V em *gyrA*, associada à resistência às quinolonas. Ensaio fenotípicos demonstraram elevada capacidade de adesão e formação de biofilme após 24 h de incubação, com biomassa média de O.D.600 = 0,578 ± 0,119. No modelo in vivo com *Galleria mellonella*, a cepa promoveu 70% de mortalidade em 168 h, confirmando seu potencial patogênico. Genomicamente, foram detectados genes de virulência associados à adesão (*sapD*, *srtB*), captação de ferro (*fagBCD*, *hmuTUV*, *irp6BC*) e regulação transcricional (*sigA*, *sigD*, *dtxR*). Nenhum sistema CRISPR-Cas foi identificado. Em conjunto, os resultados evidenciam *C. hesseae* como um patógeno emergente, com perfil multirresistente, forte capacidade de formação de biofilme e fatores genéticos compatíveis com a adaptação a ambientes hospitalares e persistência em hospedeiros humanos.

Palavras-chave: *Corynebacterium hesseae*; infecção sistêmica; resistência antimicrobiana; virulência; biofilme.