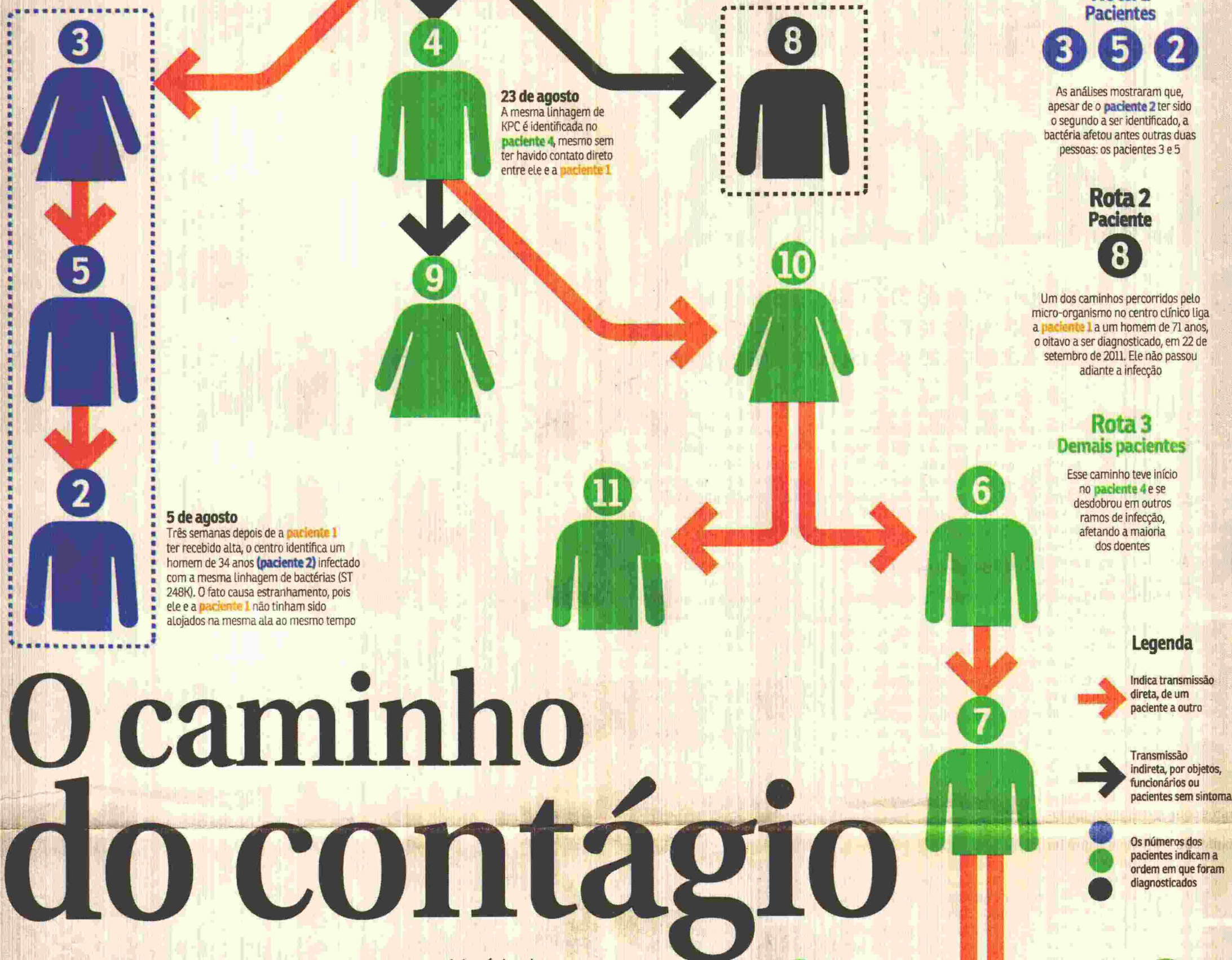


## A ameaça se espalha

Entenda como ocorreu o surto da bactéria *Klebsiella pneumoniae*, super-resistente ao tratamento com antibióticos, na UTI do Centro Clínico Nacional dos Estados Unidos. O micro-organismo provocou a morte de 11 pacientes



# O caminho do contágio

Cientistas conseguem recontar, passo a passo, a história de um surto de superbactéria que matou 11 pessoas em Nova York. O estudo ajudará no combate aos micro-organismos resistentes a antibióticos

» MARCELA ULHOA

No verão de 2011, o Centro Clínico de Nova York, nos Estados Unidos, enfrentou um surto de infecção hospitalar que afetou 18 pacientes, levando 11 deles à morte. O motivo foi a disseminação da bactéria *Klebsiella pneumoniae*, altamente resistente ao tratamento por antibiótico. Para entender como o surto ocorreu, um grupo de pesquisadores do Instituto Nacional de Pesquisa em Genética Humana dos Estados Unidos (NIH) utilizou o sequenciamento do genoma completo de bactérias coletadas de diferentes partes do corpo dos pacientes infectados. A partir de uma análise detalhada do material, o estudo conseguiu resgatar todo o histórico da evolução de contágio. O resultado está publicado na edição de hoje da revista *Science Translational Medicine*.

"Até onde sabemos, essa é a primeira vez que o sequenciamento do genoma completo foi utilizado em tempo real durante um surto hospitalar para identificar a cadeia de transmissão da bactéria de paciente para paciente", Tara Palmore, uma das autoras do estudo e médica do NIH. Segundo ela, a pesquisa abre uma nova perspectiva para que, no futuro, o método seja utilizado para direcionar os esforços de controle de infecção, já que os resultados obtidos a partir do sequenciamento genético mostram quais são os pontos sensíveis na rota de transmissão.

No caso específico analisado nos Estados Unidos, os pesquisadores conseguiram descobrir que o surto começou com uma paciente de 43 anos. A partir dela, foram formadas três rotas distintas de infecção, que, por contágio direto ou indireto, alcançaram outras 17 pessoas internadas no centro clínico, mesmo algumas que estavam em alas diferentes da paciente inicial. Os pesquisadores mostraram ainda que a ordem de

manifestação dos sintomas não obedeceu a sequência de contaminação. Ou seja, uma pessoa pode ter sido contaminada antes e transmitido a bactéria a outra, mas só manifestar os sintomas mais tarde (caso dos doentes 2, 3 e 5 no diagrama). Além disso, o grupo de especialistas levantou a hipótese de que alguns pacientes serviram apenas para transmitir o micro-organismo, sem terem dado sinais aparentes de que haviam sido infectados.

Todos os anos, hospitais ao redor do mundo têm de driblar as infecções hospitalares causadas por superbactérias cada vez mais resistentes a antibióticos. A *K. pneumoniae* é apontada como uma das principais causadoras desses surtos. Segundo a Agência Nacional de Vigilância Sanitária (Anvisa), foram relatados, entre 2009 e 2010, 157 casos de infecção por esse micro-organismo no Distrito Federal, 70 em São Paulo e 12 em Minas Gerais.

De acordo com Marcelo Brígido, professor do Departamento de Biologia Celular da Universidade de Brasília (UnB), traçar a história de quem contaminou quem durante um surto é muito difícil. "Foi somente por meio do sequenciamento genético de alto desempenho que os pesquisadores conseguiram detalhes suficientes para contar a história de transmissão. Com isso, eles puderam ver que até o ventilador de um dos quartos estava infectado com a linhagem de bactérias da primeira paciente", ressalta.

### Precisão

A técnica utilizada no estudo norte-americano é bem recente e seu custo é ainda alto. Atualmente, o método mais comum para diferenciar os tipos de cepas de bactéria é a eletroforese em gel, na qual as moléculas de DNA são separadas de acordo com seu tamanho. Entretanto, por ser mais grosseiro, esse tipo de análise não identifica diferenças mais sutis nos

genes. "As diferenças são muito sutis e às vezes não podem ser percebidas pelos métodos usuais. O DNA é formado por letras. O método tradicional percebe apenas conjuntos de letras, fragmentos maiores do material genético. Por sequenciamento, você olha cada detalhe", explica Brígido.

Segundo o professor da UnB, como no ambiente hospitalar há uma diversidade muito grande de bactérias circulantes, a resistência aos antibióticos viria de uma intensa troca de material genético entre as populações bacterianas presentes no local. "As bactérias conversam entre si e trocam informações. Dessa forma, elas se tornam multirresistentes." Tara Palmore acrescenta que a transmissão da bactéria ocorre ou por contato direto de um paciente infectado com outro (que, normalmente, já está com sistema imunológico debilitado), ou de forma indireta. No segundo caso, a infecção pode acontecer por meio dos profissionais de saúde que transitam entre as diversas áreas do hospital, por equipamentos ou pelo ambiente.

A partir dos primeiros resultados obtidos, Palmore informa que o próximo passo dos pesquisadores será utilizar o sequenciamento genético em cada nova cepa de *K. pneumoniae* que encontrarem. "Por exemplo, recentemente identificamos um paciente transferido de outro hospital com uma estirpe diferente da linhagem encontrada no último surto. Após adotarmos imediatamente o sequenciamento dos genes bacterianos presentes nele, vimos que essa estirpe não ocorreu devido a uma transmissão no nosso centro clínico." Segundo ela, os pesquisadores utilizarão a técnica para estudar patógenos adquiridos e tentar, assim, construir a base científica para a compreensão de transmissão de infecções hospitalares. "Poderemos desenvolver técnicas melhores de controle dos surtos", acredita.

