

AVALIAÇÃO GENÔMICA DE ISOLADOS DE *SALMONELLA* ENTERITIDIS DE SURTOS ALIMENTARES NO SUL DO BRASIL

SILVA, Juliana¹; MASCITTI, Andréa¹; KIPPER, Diéssy¹; IKUTA, Nilo¹; LUNGE, Vagner¹

¹ Laboratório de Diagnóstico Molecular - ULBRA - Canoas - RS

Introdução

Salmonelas são bactérias entéricas gram-negativas, que se distribuem amplamente na natureza, afetando o ser humano e outros animais. *Salmonella* causa surtos epidêmicos no homem pelo consumo de produtos de origem animal, ocorrendo a contaminação dos alimentos no processo de produção desde a criação animal até o processamento final para comercialização^A. O sorotipo Enteritidis tem sido frequentemente identificado em surtos alimentares ocorridos no Brasil nas últimas décadas^B.

Objetivos

O estudo teve como objetivo avaliar as linhagens de *Salmonella* Enteritidis (SE) associadas a surtos alimentares no Rio Grande do Sul, no período de 2003 a 2015, pela análise de genomas completos.

Material e Métodos

Aquisição de 52 culturas de SE provenientes de surtos de diversas fontes alimentares do Rio Grande do Sul



Extração de DNA total e envio para sequenciamento do genoma total pelo FDA (plataforma NextSeq500)



Análise genômica de 128 sequências (52 de surtos alimentares + 76 do *GenBank*):

(1) extração de SNPs; (2) construção de filogenia; (3) análise de sinal temporal; (4) avaliação filodinâmica; (5) avaliação da presença de genes de resistência a antibióticos.

Resultados

Os isolados de SE do Rio Grande do Sul agruparam-se em um único clado, com provável ancestral comum em 1987, junto a cepas da linhagem global epidêmica que se disseminou a partir dos anos 90^C.

Houve formação de 4 sub-clados, com médias de 20,8 (A), 11,2 (B), 19,0 (C) e 21,6 (D) SNPs (Figura) e os mesmos apresentavam sequências de isolados de diferentes locais e períodos. Essa identidade de sequências, com até 21 SNPs, indica forte relação epidemiológica entre os isolados desses sub-clados^D.

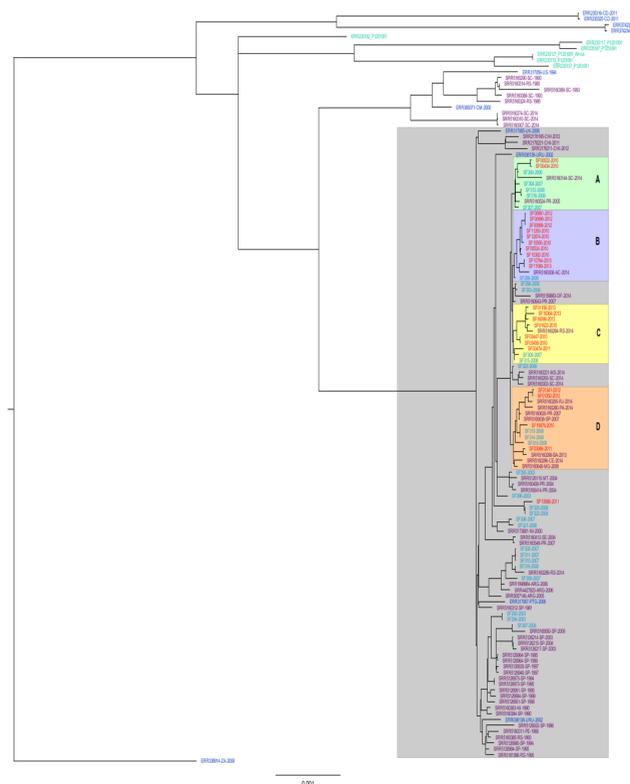


Figura. Árvore baseada na análise de SNPs das 128 cepas. O clado cinza compreende as sequências de SE da linhagem global epidêmica^C. Os rótulos das sequências de surtos alimentares desse estudo são coloridos de acordo com os anos de isolamento (azul: 2003-2008; vermelha: 2010-2015). Os subclados são coloridos na ordem: A (verde), B (lilás), C (amarelo) e D (laranja).

Conclusões parciais

Os dados evidenciam que as cepas da linhagem global epidêmica continuaram circulando no Brasil nesse período de 13 anos, causando surtos comunitários. A avaliação de genes de resistência a antibióticos demonstrou elevada suscetibilidade.

Análises adicionais estão sendo realizadas para compreender a disseminação recente de SE no Brasil e avaliar outras características genômicas, como presença de plasmídeos e de genes de virulência.

Referências bibliográficas

- ^A Brasil. Ministério da Saúde 2011.
- ^B Campioni et al. Scientific Reports 2018: 8(1):10478.
- ^C Feasey et al. Nature Genetic 2016: 48(10):1211-1217.
- ^D Pightling et al. Frontiers in Microbiology 2018: 9 :1482.