



ANÁLISE DE GENES DE RESISTÊNCIA A ANTIMICROBIANOS EM DADOS GENÔMICOS DE *SALMONELLA* TYPHIMURIUM DE ANIMAIS DE PRODUÇÃO

SILVA, Juliana Silveira da ¹; LUNGE, Vagner Ricardo ^{1 2}.

¹ Universidade Luterana do Brasil - ULBRA - Canoas - RS

² Simbios Biotecnologia - Cachoeirinha – RS

Email: ju.silveira@outlook.com

Salmonella, Typhimurium, resistência, antimicrobianos, genes.

Introdução

A *Salmonella* é um dos principais patógenos causadores de infecção humana pelo consumo de produtos de origem animal e o principal agente etiológico em surtos de origem alimentar no Brasil, de 2000 a 2015^A. Pode ser classificada em mais de 2.600 sorotipos, sendo o sorotipo Typhimurium o mais frequente em infecções sistêmicas humanas, incluindo pacientes hospitalizados^{B,C,D}. Além disso, algumas cepas desse sorotipo apresentam elevada resistência antimicrobiana, como um provável resultado do uso intensivo e indiscriminado de antibióticos na produção animal e na medicina humana nas últimas décadas^{E,F,G}.

Objetivos

O estudo teve como objetivo realizar a identificação e análise de genes resistência a antimicrobianos em genomas de cepas de *S. Typhimurium* isoladas de animais e de alimentos do Sul do Brasil.

Metodologia

Foram analisados 45 isolados de *S. Typhimurium* obtidos de surtos ou casos esporádicos. Esses isolados foram obtidos de animais ou alimentos de origem animal e correspondem a um período de 17 anos, de 2001 a 2017, nos estados do Rio Grande do Sul e Santa Catarina. O gênero *Salmonella* foi confirmado a partir do teste de aglutinação com os antígenos O e H, e o sorotipo foi identificado a partir do método de Reação em Cadeia da Polimerase (PCR). Os genomas foram sequenciados e posteriormente analisados quanto à presença ou ausência de genes que conferem resistência antimicrobiana.

^A Secretaria de Vigilância em Saúde, 2015.

^B Hendriksen, R. S. et al. Foodborne pathogens and disease. 2011.

^C Pribul, B. R. et al. Brazilian journal of microbiology. 2016.

^D Reis, R. O. et al. The Brazilian Journal of Infectious Diseases. 2018.

^E Tondo, E. C. et al. Nova Science Publishers. 2012

^F Borges, K. A. et al. Brazilian Journal of Poultry Science. 2019.

^G Reais, R. O. Brazilian Journal of Microbiology. 2019.

^H Liu, Y. et al. The Lancet infectious diseases. 2016.

^I Fernandes M.R. Antimicrob Agents Chemother. 2016.



Resultados e Conclusões parciais

Um total de 41 genes de resistência foi encontrado nos 45 genomas, com uma variação entre 2 a 14 genes por isolado. Todos isolados de *S. Typhimurium* possuíam os genes *mdf(A)* (gene de resistência a tetraciclina, cloreto de benzalcônio e rodamina) e *aac(6')-Iaa* (resistência aos aminoglicosídeos). O gene *tet(B)* (resistência a tetraciclina) foi encontrado em 22 (48,8%), *blaTEM-1B* (resistência a beta-lactâmicos) em 19 (42,2%) e *aph(6)-Id* (resistência a aminoglicosídeos) em 18 (40%) genomas analisados. Os genes *aadA2* e *aph(3'')-Ib_2* foram identificados em treze (28,8%) genomas cada, *floR* e *tet(A)* em 8 (17,7%), *aac(3)-IId*, *ant(3'')-Ia*, *aph(3')-IIa*, *aph(6)-Ic*, *sul1* e *sul2_2* em 7 (15,5%), *catA1*, *oqxA* e *oqxB* em 6 (13,3%), *aph(3'')-Ib_5* em 5 (11,1%), e *aac(3)-IVa*, *aph(4)-Ia*, *sul3*, *dfrA12_8* em 4 (8,8%) genomas cada. Os demais genes foram observados em 3 ou menos isolados cada (*aadA12*, *aph(3')-Ia_7*, *blaTEM-104*, *dfrA1_10*, *lnu(A)*, *mcr-1*, *qnrE1_1*, *aadA5*, *aph(3')-Ia_9*, *blaTEM-1A*, *cmlA1*, *dfrA12_4*, *dfrA17*, *aac(3)-IIa*, *qnrB19*, *sul2_3*, *tet(M)_8*). Em um isolado (UFRGS-SA034) foi identificado o gene *mcr-1*, que é transmitido por plasmídeo e confere resistência à Colistina. O gene *mcr-1* foi identificado pela primeira vez na China^H, em 2015, e no Brasil no ano de 2012^I. Esse achado apresenta grande importância, pois a identificação dos genes que conferem resistência à Colistina é essencial para a determinação de estratégias de terapêutica mais eficazes para o controle de infecções bacterianas graves. *S. Typhimurium* é o principal sorotipo associado a casos de saúde pública no mundo. A identificação dos genes de resistência permite a caracterização das cepas, possibilitando um conhecimento mais abrangente sobre a escolha da terapia, além do acompanhamento dos possíveis perfis de resistência à diferentes classes de antimicrobianos. Além disto, estudos como este são necessários para identificar genes de resistência à Colistina, uma droga alternativa no tratamento das infecções por bactérias multirresistentes.