

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

SILVA, Juliana^{1*}; MASCITTI, Andréa¹; KIPPER, Diéssy¹; IKUTA, Nilo¹; LUNGE, Vagner¹

¹ Laboratório de Diagnóstico Molecular - ULBRA - Canoas - RS

*ju.silveira@outlook.com

Palavras-chaves: alimentos; salmoneloses; genoma; polimorfismo; bioinformática

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. 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. A amostra consistiu em 52 isolados de SE de diversas fontes alimentares relacionados a surtos epidêmicos, de 2003 a 2015. A metodologia envolveu a extração de DNA total desses isolados e a realização de sequenciamento de genoma total pela plataforma NextSeq. As sequências genômicas obtidas, junto a mais 76 genomas de SE obtidos do *GenBank*, foram submetidas aos seguintes procedimentos de bioinformática: (1) extração de Polimorfismos de Nucleotídeos Únicos (SNPs) pelo programa CFSAN SNPpipeline; (2) construção de filogenia pelo método de máxima verossimilhança (ML) no IQ-TREE; (3) análise de sinal temporal pelo Tempest; (4) avaliação filodinâmica bayesiana com o BEAST e (5) avaliação da presença de genes que conferem resistência a antibióticos através do BLAST. Os resultados demonstraram que 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 no Brasil e Europa^C. Além disso, os isolados foram divididos em 4 sub-clados, apresentando médias dentro dos clados de 20,8 (A), 11,2 (B), 19,0 (C) e 21,6 (D) SNPs. Os sub-clados 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. Esses dados evidenciam que as cepas da linhagem global epidêmica continuaram circulando no Brasil nesse período de 13 anos, causando surtos comunitários pelo consumo de alimentos contaminados com SE. A avaliação de genes de resistência a antibióticos demonstrou elevada suscetibilidade, sendo encontrados apenas quatro isolados com genes de resistência a antimicrobianos da classe dos aminoglicosídeos e dois para tetraciclina. 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.

^A Brasil. Ministério da Saúde 2011.

^B Campioni F et al. Scientific Reports 2018: 8(1):10478.

^C Feasey NA et al. Nature Genetic 2016: 48(10):1211-1217.

^D Pightling et al. Frontiers in Microbiology 2018: 9 :1482.