

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

Juliana Silveira da Silva¹, Vagner Ricardo Lunge^{1,2}.

¹ Universidade Luterana do Brasil - ULBRA - Canoas – RS.

² Simbios Biotecnologia - Cachoeirinha – RS.

Introdução

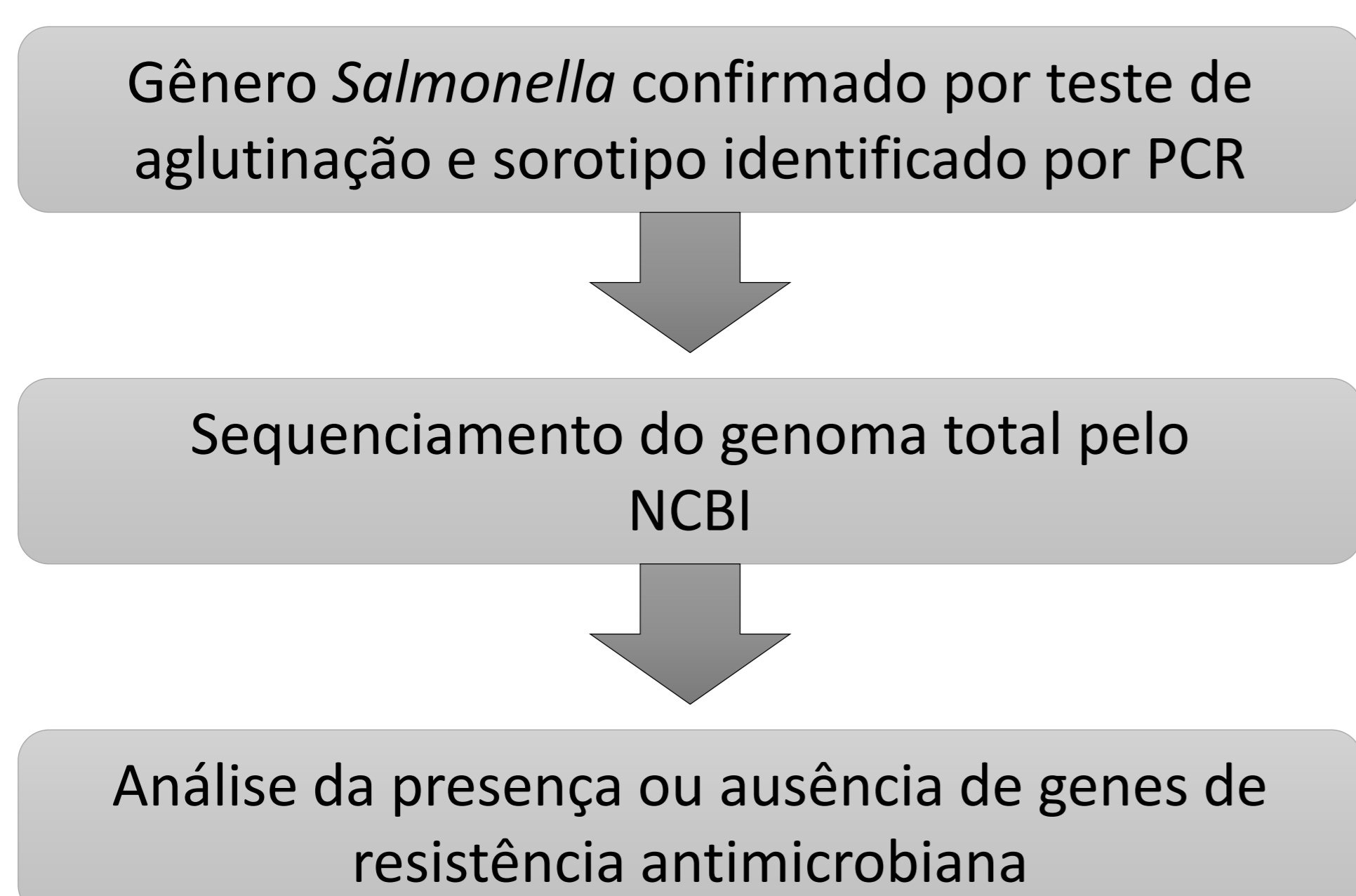
A *Salmonella* é um dos principais patógenos causadores de infecção humana pelo consumo de produtos de origem animal e foi considerada o principal agente etiológico em surtos de origem alimentar no Brasil, de 2000 a 2015^A. Pode ser classificada em mais de 2.600 sorotipos, sendo o sorotipo Typhimurium considerado a principal salmonela isolada em infecções sistêmicas humanas, inclusive em ambiente hospitalar^{B, C, D}. Além disto, algumas cepas desse sorotipo apresentam elevada resistência antimicrobiana, sendo um provável resultado do uso intensivo e indiscriminado de antibióticos ao longo das últimas décadas^{E, F, G}.

Objetivos

O estudo teve como objetivo realizar a identificação e análise de perfis de resistência de *S. Typhimurium* a diferentes classes de antimicrobianos.

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.



Resultados

Um total de 41 genes de resistência foi encontrado nos 45 genomas, com uma variação entre 2 a 14 genes por isolado (Tabela 1). 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). 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

Tabela 1: Genes de resistência encontrado por amostra.

GENES (N)	ISOLADOS (N)	PERFIL DE GENES DE RESISTÊNCIA
2	12	<i>aac(6')-Iaa, mdf(A)</i>
3	1	<i>aac(6')-Iaa, mdf(A), tet(B)</i>
5	1	<i>aac(3)-Iva, aac(6')-Iaa, aph(4)-Ia, blaTEM-1B, mdf(A)</i>
5	1	<i>aac(6')-Iaa, aph(3'')-Ib_2, aph(6)-Id, mdf(A), tet(B)</i>
5	1	<i>aac(6')-Iaa, mdf(A), oqxA, oqxB, tet(B)</i>
6	3	<i>aac(6')-Iaa, aph(3'')-Ib_5, aph(6)-Id, mdf(A), sul2_2, tet(A)</i>
7	2	<i>aac(3)-IIa, aac(6')-Iaa, aph(3'')-Ia_9, blaTEM-1B, mdf(A), qnrB19, tet(A)</i>
7	1	<i>aac(6')-Iaa, aadA2, blaTEM-1B, dfrA12_8, mdf(A), tet(A), tet(M)</i>
7	1	<i>aac(6')-Iaa, aadA2, blaTEM-1B, dfrA12_8, mdf(A), sul3_2, tet(M)</i>
7	1	<i>aac(6')-Iaa, aadA2, blaTEM-1B, dfrA12_8, mdf(A), tet(A), tet(M)</i>
7	3	<i>aac(6')-Iaa, aph(3'')-Ib_2, aph(6)-Id, mdf(A), oqxA, oqxB, tet(B)</i>
8	1	<i>aac(6')-Iaa, ant(3'')-Ia, blaTEM-104, catA1, lnu(G), mdf(A), sul1, tet(B)</i>
9	1	<i>aac(3)-IIId; aac(6')-Iaa; aadA2; aph(3'')-Ib_5; aph(6)-Id; blaTEM-1B; dfrA12_4; mdf(A); tet(B)</i>
9	1	<i>aac(6')-Iaa, aadA12, aadA2, aph(3'')-Ia_7, blaTEM-1B, dfrA12_8, lnu(A), mdf(A), sul3_2</i>
9	1	<i>aac(6')-Iaa, aph(3'')-Ib_2, aph(6)-Id, blaTEM-1A, mdf(A), oqxA, oqxB, sul2_2, tet(B)</i>
10	1	<i>aac(3)-IIId, aac(6')-Iaa, aadA2, blaTEM-1B, dfrA12_4, mcr-1.1, mdf(A), qnrB19, sul2_3, tet(B)</i>
10	2	<i>aac(6')-Iaa, aadA5, ant(3'')-Ia, catA1, dfrA17, lnu(G), mdf(A), sul1, sul2_2, tet(B)</i>
10	1	<i>aac(6')-Iaa, aph(3'')-Ib_2, aph(6)-Id, blaTEM-1A, floR, mdf(A), oqxA, oqxB, sul2_2, tet(B)</i>
11	1	<i>aac(3)-IIa, aac(6')-Iaa, ant(3'')-Ia, aph(3'')-Ib_2, aph(6)-Id, blaTEM-1B, dfrA1, mdf(A), qnrE1, sul1, tet(A)</i>
11	3	<i>aac(3)-IIId, aac(6')-Iaa, aadA2, aph(3'')-Ib_2, aph(3'')-Iia, aph(6)-Ic, aph(6)-Id, blaTEM-1B, floR, mdf(A), tet(B)</i>
11	1	<i>aac(3)-Iva, aac(6')-Iaa, aph(3'')-Ib_2, aph(3'')-Iia, aph(4)-Ia, aph(6)-Ic, aph(6)-Id, blaTEM-1B, lnu(G), mdf(A), tet(B)</i>
12	1	<i>aac(3)-IIId, aac(6')-Iaa, aadA2, aph(3'')-Ib_2, aph(3'')-Iia, aph(6)-Ic, aph(6)-Id, blaTEM-1B, floR, mdf(A), tet(B)</i>
12	1	<i>aac(3)-IIId, aac(6')-Iaa, aadA2, aph(3'')-Ib_2, aph(3'')-Iia, aph(6)-Ic, aph(6)-Id, blaTEM-1B, floR, mdf(A), sul2_3, tet(B)</i>
12	1	<i>aac(6')-Iaa, ant(3'')-Ia, aph(3'')-Ib_2, aph(3'')-Iia, aph(6)-Ic, aph(6)-Id, blaTEM-1B, catA1, lnu(G), mdf(A), sul1, tet(B)</i>
14	2	<i>aac(3)-Iva, aac(6')-Iaa, aadA2, ant(3'')-Ia, aph(4)-Ia, blaTEM-1B, catA1, cmlA1, floR, lnu(G), mdf(A), sul1_5, sul3_2, tet(B)</i>

Conclusões parciais

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.

Referências bibliográficas

- ^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.