



PERFIL GENOTÍPICO DE RESISTÊNCIA A ANTIBIÓTICOS DE *SALMONELLA* SPP. ORIUNDOS DE LINFONODOS SUÍNOS

Lucas Diniz Sperandio¹; Ricardo Seiti Yamatogi²; Rafaela de Melo Tavares³; Lorena Natalino Haber Garcia³; Everton Cruz de Azevedo³; Luiz Augusto Nero²

¹Discente de Graduação da UFV; ²Orientador/Docente da UFV; ³Discente de Pós-graduação da UFV

E-mails: lucas.sperandio@ufv.br; ryamatogi@ufv.br; rafaela.tavares@ufv.br; tomazevedo85@gmail.com; lorenahgarcia@gmail.com; nero@ufv.br

Palavras-chave: MDR; Metafiláticos, Patógenos

Grande Área: Centro de Ciências Biológicas

Área temática: Medicina Veterinária

Categoria do Trabalho: Pesquisa

Introdução

A cadeia produtiva suína gera anualmente milhões de reais, sendo um produto econômico importante para região da Zona da Mata Mineira. Diversas ações adotadas com o propósito de prevenir doenças, reduzir perdas e aumentar a eficiência das granjas são aplicadas durante o manejo da produção como, por exemplo, os produtos metafiláticos, ou seja, antibioticoterapia profilática. No entanto, esta prática quando realizada de forma equivocada pode levar a seleção de cepas bacterianas resistentes a antibióticos de uso veterinários e humanos. Nesse contexto, um dos agentes influenciados por esta prática é a *Salmonella*. Este gênero bacteriano tem cada vez mais se tornado resistente a diversos antibióticos e sabidamente apresentado grande relação a cadeia produtiva suína e surtos de origem alimentar.

Objetivos

Pesquisar o perfil genotípico quanto a resistência a antibióticos de 20 isolados de *Salmonella* Multidroga Resistentes – MDR oriundos do linfonodo mesentérico de suínos.

Material e Métodos

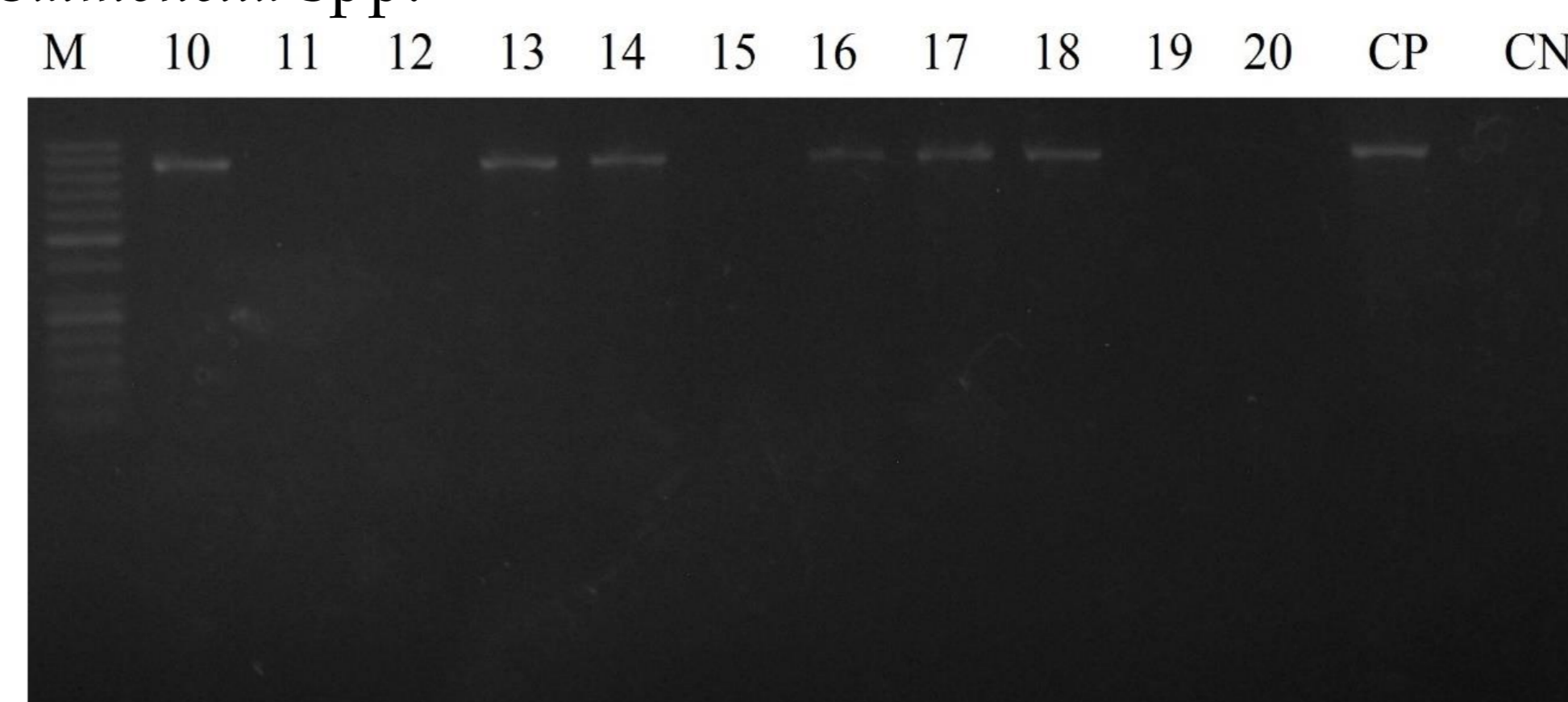
Foram utilizados um total de 20 isolados de *Salmonella* spp., classificados fenotipicamente como Multidroga resistente – MDR, oriundos de linfonodos suínos mesentéricos e avaliados quanto a pureza por meio da microbiologia convencional seguindo protocolo de métodos oficiais. Posteriormente, cada isolado foi investigado quanto a presença dos genes *mcr-1*, *strA*, *tet(A1)*, *florR*, *blaTEM*, *blaTEM-1*, *sul1* por meio da técnica de PCR. Os resultados obtidos foram analisados e os perfis de resistência genotípica de cada isolado estabelecido.

Resultados

No total, 10 isolados apresentaram pelo menos a presença de um gene de resistência conforme figura 1 e tabela 1. Os genes mais frequentes entre os isolados foram os genes *blaTEM*, *tet(A)* e *florR* (50%), responsáveis pelos princípios ativos amoxicilina, tetraciclina e florfenicol seguidos pelos genes *StrA* e *blaTEM-1* (estreptomicina e ampicilina). Os genes *mcr-1* e *sul-1* relacionados a colistina e sulfonamidas foram 100% negativo entre os isolados investigados.

Analisando o perfil de resistência aos referente os genes testados, observou-se dois perfis entre os 20 isolados (tabela 2).

Figura 1 – Resultado da PCR para o gene *blaTEM* (859 pares de base) em amostras de isolados de *Salmonella* spp.



M: Marcador de peso molecular de 50 pares de bases (bp); coluna 10 a 20 - amostras; CP - Controle positivo; CN - Controle negativo. Fonte: Próprio Autor.

Tabela 1 - Presença ou ausência dos genes pesquisados pelo PCR nos 20 isolados testados.

Amostras	<i>mcr-1</i>	<i>sul-1</i>	<i>strA</i>	<i>blaTEM-1</i>	<i>blaTEM</i>	<i>tet(A)</i>	<i>florR</i>
1	-	-	-	-	+	+	+
2	-	-	-	-	+	+	+
3	-	-	-	-	+	+	+
4	-	-	-	-	+	+	+
5	-	-	-	-	-	-	-
6	-	-	-	-	-	-	-
7	-	-	-	-	-	-	-
8	-	-	-	-	-	-	-
9	-	-	-	-	-	-	-
10	-	-	+	+	+	+	+
11	-	-	-	-	-	-	-
12	-	-	-	-	-	-	-
13	-	-	+	+	+	+	+
14	-	-	+	+	+	+	+
15	-	-	-	-	-	-	-
16	-	-	+	+	+	+	+
17	-	-	+	+	+	+	+
18	-	-	+	+	+	+	+
19	-	-	-	-	-	-	-
20	-	-	-	-	-	-	-

Fonte: Próprio Autor

Tabela 2 - Principais perfis genotípicos de resistência a antibióticos

Perfil resistência a antibióticos	Quantidade
<i>StrA</i> , <i>BlaTEM-1</i> , <i>BlaTEM</i> , <i>TetA</i> , <i>FloR</i>	6
<i>BlaTEM</i> , <i>TetA</i> , <i>FloR</i>	4

Fonte: Próprio Autor

Conclusões

Os resultados apresentados neste trabalho trazem informações preocupantes quanto a característica genotípica relacionada a resistência a antibióticos no gênero *Salmonella*. A presença destes genes indica a necessidade de monitorar de forma melhor a utilização de antibióticos na produção, afim destes princípios ativos não influenciarem os tratamentos médicos humanos e veterinários no futuro.

Apoio Financeiro e Agradecimentos

