

RESISTÊNCIA A METAIS PESADOS EM *ENTEROCOCCUS*: POR QUE DEVEMOS NOS PREOCUPAR?

GUERRA, C.F.^{1,2}; FARIA, A.R.^{1,2}; LEITE, V.L.M.¹; SOUZA, S.S.R.¹; FREITAS, A.A.R.¹; MORAIS, J.M.^{1,3}; MELO, C.M.C.^{1,3}; MERQUIOR, V.L.C.³; TEIXEIRA, L.M.¹.

¹Instituto de Microbiologia Paulo de Góes, CCS-UFRJ, Rio de Janeiro, RJ (Av. Carlos Chagas Filho, 373, Bloco I, 2º andar, CEP 21941-590, Rio de Janeiro - RJ, Brazil); ²Faculdade de Medicina, UFRJ, Rio de Janeiro, RJ (Rua Bruno Lobo, 50, 5º andar, CEP 21044-020, Rio de Janeiro- RJ, Brazil); ³Faculdade de Ciências Médicas, UERJ, Rio de Janeiro, RJ (Av. Professor Manoel de Abreu, 444, 2º andar, CEP 20550-170, Rio de Janeiro - RJ, Brazil).

Enterococcus são microrganismos ubíquos e importante causa de Infecções Relacionadas à Assistência à Saúde, devido, sobretudo, a ocorrência de resistência a diferentes compostos. O objetivo do presente estudo foi avaliar a presença de genes de resistência a metais pesados (RMP) nas duas principais espécies do gênero e a potencial correlação com genes de resistência aos antimicrobianos (RA), marcadores plasmidiais e a diversidade populacional. Foram estudadas 170 amostras (*E. faecalis*, N=93; e *E. faecium*, N=77), de origem humana (pacientes hospitalizados, N=60), ambiental (águas costeiras, N=60) e animal (aves selvagens, N=50). A identificação foi realizada por MALDI-TOF MS e a presença de genes de RMP [cobre (*trcB* e *cueO*), mercúrio (*merA*) e cádmio (*cadA*)] e de RA foi investigada por PCR. As ferramentas BLAST e PlasmidFinder v2.0.1 foram utilizadas para análise de 52 amostras submetidas ao sequenciamento do genoma completo. A diversidade genética foi analisada por MLST. Um total de 75,9% das amostras apresentou pelo menos um gene de RMP e em 51,2% foi observada a presença concomitante de um ou mais genes de RMP e um ou mais genes de RA. Na espécie *E. faecalis*, *cadA* foi prevalente (74,2%) e 4,3% destas também apresentaram *trcB* e *cueO*. Em *E. faecium*, *trcB* foi predominante (67,5%), seguido de *cueO* (16,9%) e *cadA* (10,4%), independente da origem de isolamento. Dentre os genes de RA, *vanA*, *tetM*, *tetL*, *ermB*, *aac(6')-Ia-aph(2'')-Ia*, *ant(6')-Ia* e *aph(3')-IIIa* foram frequentemente associados a presença concomitante de genes de RMP. O gene *merA* foi detectado em 23% (12/52) das amostras de *E. faecium* de origem humana e ambiental e em associação com genes de RA. Foram identificados 19 marcadores de plasmídeos, sendo repUS15 o mais frequente em *E. faecium* (92,5%) e repUS43 em *E. faecalis* (91,6%). Também, 70,3% das amostras de *E. faecium* portadoras de repUS15 carregavam *trcB* e 90,9% dos *E. faecalis* portadores do repUS43 o *cadA*. Foram identificados 38 STs distintos para *E. faecium* e 37 para *E. faecalis*. Cinco STs foram compartilhados entre amostras de origens diversas: ST94 (ambiental e animal), ST4, ST330 (humana e animal), ST21 e ST40 (humana e ambiental). Os resultados obtidos corroboram as evidências de que a pressão seletiva exercida pela exposição contínua do ambiente a poluentes químicos parece ter importante influência na co-seleção de determinantes de RMP e de RA entre linhagens de *Enterococcus* de diferentes origens, reforçando os conceitos de Saúde Única.

Palavras-chave: *Enterococcus*; Resistência a metais pesados; Resistência aos antimicrobianos; Marcadores plasmidiais.

Agências de Fomento: CNPq; INPRA; CAPES e FAPERJ