

TITLE: PERFIL FENOTÍPICO E GENOTÍPICO DE SUSCEPTIBILIDADE A ANTIMICROBIANOS DE ISOLADOS DE *SALMONELLA* SP. OBTIDOS DE PRODUTOS CÁRNEOS DE ORIGEM AVÍCOLA

AUTHORS: DIAS, L. M. P.¹; MELO, B. V. R.¹; ORISIO, P.H.S.¹; MARGATTO, C.¹; SANTOS, E.A.R.¹; SCHMIEDT, J.A.¹; TADIELO, L.E.²; BERSOT, L.S.¹

INSTITUTION: ¹UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ, DEPARTAMENTO DE CIÊNCIAS VETERINÁRIAS, SETOR PALOTINA, PR (RUA PIONEIRO, 2153, JARDIM DALLAS, CEP 85950-000, PALOTINA, PARANÁ, BRASIL); ²UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA, CAMPUS DE BOTUCATU (UNESP), FACULDADE DE MEDICINA VETERINÁRIA E ZOOTECNIA (FMVZ), BOTUCATU, SP (DISTRITO DE RUBIÃO JR, SN, CEP 18618-970, BOTUCATU – SÃO PAULO, BRASIL).

ABSTRACT:

Salmonella sp. é um problema de saúde pública por ser considerado um dos principais agentes responsáveis por infecções gastrointestinais. O uso extensivo de antimicrobianos no tratamento desta enfermidade em humanos e animais é um dos fatores que desencadeou a resistência antimicrobiana (RAM). O objetivo desse estudo foi realizar a avaliação fenotípica e genotípica da RAM em isolados de *Salmonella* sp. obtidos a partir do estudo prévio realizado no Laboratório de Inspeção e Controle de Qualidade de Alimentos e Água (LACOMA/UFPR). Foram selecionados 13 isolados de *Salmonella* sp. isolados a partir de produtos cárneos de aves, classificados como formadores de biofilme e aderentes em superfície de poliestireno. Para a avaliação fenotípica foi realizado o método de disco-difusão e avaliados os antimicrobianos: amoxicilina - AMO (10 µg); ceftiofur – CTF (30 µg); aztreonam - ATM (30 µg); imipenem – IPM (10 µg); ciprofloxacina - CIP (5 µg); tetraciclina - TET (30 µg); gentamicina - GEN (10 µg), sulfametaxazol + trimetopim - SUT (23,75/1,25 µg), cloranfenicol - CLO (30 µg) e azitromicina - AZI (15 µg). Para a detecção de *Salmonella* sp. produtora de beta-lactamases de espectro estendido (ESBL), foram utilizados os antimicrobianos: amoxicilina com ácido clavulânico (20/10 µg), ceftazidima (30 µg), cefotaxima (30 µg) e cefepima (30 µg). Isolados resistentes a mais de três classes de antimicrobianos foram definidos multidroga-resistente (MDR). Para o perfil genotípico, os isolados foram submetidos a PCR para avaliação dos genes relacionados à resistência antimicrobiana, *blaTEM*, *aac(3)-II*, *tetA*, *qnrS*, *dhfrI*, *cmIA5* e *floR*. Os 13 isolados avaliados foram considerados MDR, apresentando alta resistência para os antimicrobianos TET, AMO, CTF, CIP, SUT e AZI. Três isolados apresentaram produção de ESBL. Todos os isolados avaliados genotipicamente (n=13) apresentaram o gene de resistência *tetA*, cinco apresentaram o gene *cmIA5* e um isolado apresentou o gene *qnrS*, que conferem resistência aos antimicrobianos TET, CLO e CIP respectivamente. A alta resistência a CIP (85%) e a presença do gene *qnrS* é um sinal preocupante visto que este antimicrobiano é recomendado para uso em humanos. Estes resultados são de importância para saúde pública, visto que a MDR e a presença de ESBL dificulta o tratamento de infecções hospitalares, assim como os genes de resistência detectados podem contribuir para a perpetuação e disseminação de microrganismos mais resistentes no ambiente.

Keywords: resistência antimicrobiana, indústria de alimentos, ESBL.

Development Agency: CNPq