

ID TRABALHO: 204/1530-0

ÁREA DO TRABALHO: MICROBIOLOGIA CLÍNICA

TÍTULO DO TRABALHO: Resistência E Virulência Em Isolados Da Comunidade Pertencentes Ao Complexo Staphylococcus Aureus: Uma Abordagem Em Saúde Única

AUTORES: Guilherme Henrique Pereira, Luciana Roberta Torini De Souza, Fernanda Zani Manieri, Fabio Campioni, Keite Da Silva Nogueira, Alex Bossers, Ilana Lopes Baratella Da Cunha Camargo

INSTITUIÇÃO: Universidade de São Paulo

RESUMO:

Residentes da casa contribuem diretamente para a microbiota doméstica, incluindo animais de estimação, ambiente externo, ventilação e materiais de construção. Staphylococcus aureus pode colonizar a pele e fossas nasais de humanos, mas também é oportunista associada a infecções nosocomiais e de comunidade, que podem ser agravadas pela aquisição de genes de resistência e fatores de virulência. Este estudo avaliou a presença, o perfil de resistência e de virulência de S. aureus na poeira doméstica, humanos e cães. Coletas de fezes e swab nasal (humano e cão) e poeira doméstica foram realizadas em grupos de 20 casas: grupo A de humanos sem animais, grupo B com cães de estimação e C com cães sob antibioticoterapia, em duas etapas com 15 dias de intervalo. Amostras foram semeadas em ágar sal manitol e TSA com 5% de sangue de carneiro. Colônias típicas seguiram para coloração de Gram e testes bioquímicos (Catalase, coagulase em tubo e utilização do manitol), teste de sensibilidade por Phoenix M50 e confirmação da espécie por MALDI-TOF. A clonalidade de isolados do mesmo humano, cão ou poeira da mesma casa foi investigada com eletroforese em gel de campo pulsado. O perfil hemolítico (alfa, beta e gama-hemólise) em ágar sangue de carneiro 5% foi comparado com a presença de genes de hemolisinas (hla, hlb, hlg e hld) detectados por PCR. A presença dos genes das toxinas esfoliativas (eta e etb), leucocidinas (lukSF-PV e lukSF-DE) e toxina da síndrome do choque tóxico-1 (tsst-1) também foram pesquisadas. Encontramos mais humanos (24,1% do total) do que cães (11,7%) colonizados por S. aureus nos participantes do estudo. No grupo A, apenas um humano estava colonizado. No grupo B, sete humanos e três cães de casas diferentes estavam colonizados, e a bactéria foi encontrada na poeira de duas casas desse grupo, onde o humano ou o cão estudado não estavam colonizados. No grupo C, apenas cinco humanos e um cão estavam colonizados. Ao todo, 34 isolados de S. aureus foram obtidos. Em um caso o mesmo clone foi encontrado no humano e no cão (grupo B), indicando transmissão humano-animal. Em duas casas, humanos apresentaram dois clones distintos nas fossas nasais, um em cada coleta. Foram selecionados 21 isolados, sendo 15 de humanos, quatro cães e dois de poeira. Um isolado foi encontrado no grupo A (4,8%), 14 do grupo B (66,6%) e seis do grupo C (28,6%). Nove dos 21 isolados foram

recuperados na primeira coleta e 12 na segunda. Dois isolados (9,5%) foram manitol negativo. Foi observada resistência à clindamicina (42,8%), eritromicina (52,4%) e benzilpenicilina (85,7%) nos isolados. Dos 21 isolados, 11 apresentaram beta-hemólise (52,4%), cinco isolados apresentaram alfa-hemólise (23,8%) e cinco (23,8%) apresentaram gama-hemólise. Todos os isolados apresentaram os genes hla, hlg e hld. Os isolados de poeira, 3 de cães e 11 de humanos apresentaram o gene hlb (76,2%) e nenhum isolado apresentou os genes eta, etb e lukSF-PV. O gene lukSF-DE foi detectado em 18 isolados (85,7%), sendo 3 de cães e 2 de poeira. O gene tsst-1 foi encontrado em 11 de humanos e nos isolados de cães (71,4%). A maioria dos isolados apresentavam hemolisinas e resistência a poucos antibióticos, mas que são amplamente utilizados. Por fim, evidenciamos apenas um caso em que humano e cão continham o mesmo clone de *S. aureus*, resistente à benzilpenicilina, com os genes tsst-1, lukSF-DE, hlg, hla e hld.