



XI Encontro do Instituto Adolfo Lutz

Desafios do Laboratório de Saúde Pública: conhecer, monitorar e responder

04 a 07 de novembro de 2024

São Paulo/SP

e40580

• Biologia Médica

Caracterização do contexto genético de genes bla_{ESBL} de sorovares de *Salmonella* spp. de origem humana e não-humana no estado de São Paulo

Amanda Maria de Jesus Bertani* , Thais Vieira, Gisele Lozano Costa, Carlos Henrique Camargo , Monique Ribeiro Tiba-Casas 

Núcleo de Doenças Entéricas e Infecções por Patógenos Especiais, Centro de Bacteriologia, Instituto Adolfo Lutz, São Paulo, SP, Brasil.

*Autor de correspondência: amandabertani94@gmail.com

Coordenadora da Comissão Científica: Adriana Pardini Vicentini

Atualmente, é preocupante o aumento da incidência de infecções causadas por salmonelas produtoras de ESBL, pois são resistentes à maioria dos antimicrobianos beta-lactâmicos e outras classes antimicrobianas, e esses genes são carreados em sua maioria por elementos genéticos móveis, como plasmídeos transferíveis e transposons, facilitando sua disseminação na comunidade. O presente estudo teve como objetivo caracterizar o contexto genético de genes bla_{ESBL} de sorovares de *Salmonella* spp. isoladas de diversas fontes de origem no estado de São Paulo. Foram analisadas 15 cepas positivas para bla_{ESBL} ($bla_{CTX-M-2}$; n = 8; $bla_{CTX-M-8}$; n = 5, $bla_{CTX-M-65}$; n = 1; e $bla_{CTX-M-55}$; n = 1) do período de 2010-2020, de origem humana, aviária, alimentar e ambiental recebidas no Centro de Bacteriologia (IAL). A extração de DNA bacteriano foi realizada utilizando o *Kit Wizard Genomic DNA Purification Kit*. O sequenciamento do genoma completo foi realizado utilizando a plataforma Ion Torrent S5. Para a caracterização plasmidial de cepas representativas de cada gene bla , foi realizado o sequenciamento *long-reads* (MinION). A tipagem do grupo plasmidial (Inc) e *sequence type* do plasmídeo (pMLST) foram realizadas utilizando as ferramentas PlasmidFinder e pMLST, respectivamente, do servidor CGE. As sequências de inserção (IS) e o contexto genético dos genes bla_{ESBL} foram caracterizados na ferramenta ISFinder e no *software* Bionumerics 8.0. De acordo com análise genômica, o gene $bla_{CTX-M-2}$ é carreado por plasmídeos IncHI2/NT, $bla_{CTX-M-8}$ (IncI1/ST113), $bla_{CTX-M-65}$ (IncFIB/NT) e bla_{CTX-55} (IncFII/F33:A-B-). Em relação ao contexto genético, em todos os isolados, o gene $bla_{CTX-M-2}$ é flanqueado por ISCR1 a montante e ORF3/*qacEΔ1* e *sul1* a jusante. O contexto genético de $bla_{CTX-M-8}$, $bla_{CTX-M-65}$ e $bla_{CTX-M-55}$ consiste em um transposon composto de IS26, contendo variações na composição intermediária específica de cada gene. Nossos resultados ressaltam a importância do monitoramento de genes de resistência antimicrobiana que podem ser disseminados por plasmídeos conjugativos, os quais desempenham um papel crucial na plasticidade bacteriana.

Palavras-chave. *Salmonella*, beta-Lactamases, Plasmídeos.

Comitê de Ética: Não declarado pelos autores.

Órgão Financiador: CAPES, Processo 88887.509271/2020-00.