

Determinação de perfil genômico de resistência antimicrobiana e virulência em bactérias Gram-negativas de rotinas clínicas veterinárias no Distrito Federal

Menezes, L.B¹; Mendes, B.F¹; Perecmanis, S²; Nascimento, L G³; Fontana, H^{4,5}; Lincopan, N^{4,5}; Araújo, B.F^{1,5}.

¹ Departamento de Biologia Celular, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade de Brasília, Brasil.

² Laboratório de Microbiologia Médica Veterinária do Hospital Veterinário de Pequenos Animais (HVET-UnB), Brasília, Brasil.

³ Laboratório de Análises Veterinárias (LAVET), Brasília, Brasil.

⁴ Departamento de Microbiologia, Instituto de Ciências Biomédicas, Universidade de São Paulo, São Paulo, Brasil.

⁵ *One Health Brazilian Resistance Project* (OneBr), São Paulo, Brasil.

Autor correspondente: Menezes, L. B (menezesblucas@gmail.com)

Resumo

Infecções por bactérias Gram-negativas multirresistentes representam um sério problema de saúde pública mundial, associadas a altas taxas de mortalidade e morbidade anualmente. Considerando o contexto de Uma só Saúde (*OneHealth*) e a constante interação entre humanos, animais de companhia, espécies de interesse pecuárias, animais silvestres e o ambiente, a vigilância genômica e epidemiológica de patógenos resistentes na interface animal é cada vez mais necessária. Neste contexto, para a realização deste estudo foram obtidos 88 isolados de bactérias Gram-negativas provenientes de animais domésticos e silvestres da rotina clínica de dois laboratórios veterinários do Distrito Federal (Laboratório de Análises Veterinárias e Laboratório de Microbiologia Médica Veterinária do Hospital Veterinário de Pequenos Animais da Universidade de Brasília). Os isolados passaram pelo Teste de Susceptibilidade a Antimicrobianos (TSA) e 65 destes foram identificados por MALDI-TOF[®]. Utilizando como critérios, os perfis de resistência a antimicrobianos e relevância epidemiológica das espécies, 8 isolados, provenientes de Cão doméstico (*Canis lupus familiaris*, n=2), Gato doméstico (*Felis catus*, n=1), Rato-comum (*Rattus norvegicus*, n=1), Cavalos (*Equus caballus* n=1), Vaca (*Bos taurus*, n=1), Bicudo-verdadeiro (*Sporophila maximiliani*, n=1) e Papagaio-verdadeiro (*Amazona aestiva*, n=1), foram sequenciados pela plataforma Illumina NextSeq no Centro de Facilidades de Apoio à Pesquisa do Instituto de Ciências Biomédicas da Universidade de São Paulo. Os isolados foram identificados pelo PubMLST como *Klebsiella pneumoniae* (n=2), *Stenotrophomonas maltophilia* (n=2), *Escherichia coli* (n=1), *Acinetobacter baumannii* (n=1),

Pseudomonas aeruginosa (n=1) e *Pantoea piersonii* (n=1). O resistoma das espécies foi caracterizado utilizando a ferramenta online ResFinder v4.6.0 do *Center for Genomic Epidemiology* (CGE) e o MEGARes *database*. Foram detectados genes de resistência a β -lactâmicos [*bla*_{TEM-1B}, *bla*_{CTX-M}, *bla*_{PAO}, *bla*_{OXA} e *bla*_{SHV}], aos aminoglicosídeos [*aac*(6')-Ia, *aac*(6')-Ib-cr, *aac*(6')-Ic, *aac*(6')-II, *aac*(3)-IIa, *aadA1*, *aadA6*, *aph*(3')-Ia, *aph*(6)-Id, *aph*(3'')-IIb, *aph*(3')-IIc, *aph*(6)-Id, *sph*-I, *smeABSR*, *ant*(3'')-Ia], às fluoroquinolonas [*oqx*B, *crp*P e *smeDF*], às sulfonamidas [*sul*1 e *sul*2], às tetraciclinas [*tet*(B), *tet*(H) e *tmexD2*], à trimetoprima [*dfrA1*] e à fosfomicina [*fosA*, *fosA6* e *abaFQ*]. Diferentes grupos de incompatibilidade de plasmídeos foram encontrados, incluindo IncFIB(K), IncFII(K), IncR, IncP6, IncFIB(AP001918), IncFIC(FII), IncI1-I(Alpha), IncQ1 IncFIA(HI1), IncFIB(K), IncR e repB(R1701). Genes QAC e de resistência a metais pesados e desinfetantes também apresentaram ampla distribuição nos genomas analisados. Foram detectados nos genomas a presença de genes de virulência pela ferramenta online *Virulence Finder* 2.0 e pelo *software VirulenceFinder Database* (VFDB), principalmente os genes *ompA* (50%) e *iutA* (37,5%) relacionados a adesão e captação de ferro respectivamente. Esses resultados destacam a convergência de determinantes de resistência e virulência em animais domésticos e silvestres em bactérias isoladas no Distrito Federal. Dado o constante e crescente contato de comunidades humanas com estes animais, a disseminação dessas bactérias e de características genéticas que favorecem sua adaptação na interface animal-humano deve ser continuamente monitorada, pois além de representar um potencial zoonótico de grande relevância para a saúde pública, está diretamente relacionada à sustentabilidade da produção animal e às estratégias de uso racional de antimicrobianos na medicina veterinária.

Palavras-chave: vigilância genômica; resistência a antimicrobianos; Papagaio-verdadeiro; animais silvestres.