

ANÁLISE DA ASSOCIAÇÃO ENTRE A FREQUÊNCIA DE GENES PLASMIDIAIS E NÃO PLASMIDIAIS DE RESISTÊNCIA ÀS QUINOLONAS E O PERFIL DE SUSCETIBILIDADE AO CIPROFLOXACINO EM ISOLADOS DE *Salmonella Typhi* NO ESTADO DO PARÁ

Jean Carlos Silva Del Castillo¹; Mayza Bezerra Miranda²; Yan Corrêa Rodrigues³; Karla Valéria Batista Lima⁴; Ana Judith Pires Garcia⁴

1. Acadêmico do Curso de Biomedicina da Universidade do Estado do Pará (UEPA), Belém/PA, Brasil
2. Mestranda do Programa de Pós-Graduação de Biologia Parasitária na Amazônia da Universidade do Estado do Pará (UEPA), Belém/PA, Brasil
3. Professor Substituto do Departamento de Ciências Naturais da Universidade do Estado do Pará (UEPA), Belém/PA, Brasil
4. Pesquisadora da Seção de Bacteriologia e Micologia do Instituto Evandro Chagas (IEC), Belém/PA, Brasil

Introdução: A bactéria causadora da febre tifoide (FT) *Salmonella enterica* sorotipo Typhi (*S. Typhi*) vem apresentando um elevado perfil de resistência para os antimicrobianos de primeira linha e, recentemente, para as fluoroquinolonas, que são as mais indicadas para a sua antibioticoterapia. Tal cenário decorre de mecanismos de resistência aos antimicrobianos expressados pelo DNA cromossomal ou extracromossomal da bactéria, representados respectivamente, por genes não plasmidiais e plasmidiais cujos produtos funcionais dificultam a ação efetiva dos antibióticos. **Objetivo:** Avaliar a relação entre o perfil genético e fenotípico de resistência às quinolonas em isolados de *Salmonella Typhi* no estado do Pará. **Materiais e Métodos:** Pesquisa experimental e descritiva com 67 isolados de *S. Typhi* oriundos de casos esporádicos de FT e pertencentes ao acervo microbiológico da Seção de Bacteriologia do Instituto Evandro Chagas (SABAC-IEC). A detecção dos genes plasmidiais *qnrA*, *qnrS* e *opxAB*, e dos genes não plasmidiais constitutivos *gyrA*, *gyrB*, *parC* e *parE* ocorreu por meio da reação em cadeia da polimerase (PCR). Estes últimos genes foram submetidos ao sequenciamento de genoma completo pelo método de Sanger para a identificação de possíveis mutações cromossômicas pontuais. Acerca do perfil de suscetibilidade às quinolonas, os isolados foram avaliados por microdiluição em caldo para ciprofloxacino conforme as recomendações do Clinical and Laboratory Standards Institute para a interpretação qual-quantitativa da concentração inibitória mínima. **Resultados:** As frequências gênicas obtidas foram: ausência dos genes plasmidiais de interesse em 100% dos isolados; enquanto nos genes não plasmidiais apenas um isolado apresentou mutação, cuja localização estava no gene *gyrA* (representada por Asp87Gly). Já o perfil fenotípico para ciprofloxacino, o quadro obtido dos isolados foi: 24% sensíveis; 28% com suscetibilidade reduzida; e 48% resistentes. O isolado que apresentou a mutação se enquadra dentre os resistentes. Para as demais, independente do seu perfil fenotípico, o genotípico exibiu o padrão prevalente: inexistência dos genes plasmidiais e ausência de mutação nos genes não plasmidiais. **Conclusões:** Nota-se um quadro incomum ao analisar a associação entre o perfil genotípico e fenotípico referente à resistência às quinolonas de *S. Typhi* no Pará ao compará-los com o que tem sido relatado mundialmente, pois os genes de resistência mais frequentes estão, predominantemente, ausentes nos isolados estudados, ou seja, sugere-se que tal quadro seja característico das cepas circulantes da região, pois há um considerável quantitativo de isolados que apresentam perfil de resistência e suscetibilidade reduzida ao ciprofloxacino. Portanto, faz-se necessário a continuidade de

estudos na área, pois, esses dados sugerem que os perfis observados são decorrentes de outros mecanismos de resistência codificados por genes menos frequentes, sejam plasmidiais, sejam não plasmidiais.

jean.csdcastillo@aluno.uepa.br