

Análise da prevalência de genes de resistência em genomas de bactérias portadoras do gene *mcr* isoladas de alimentos no Brasil

Victória Késsia Silva Araújo¹

¹*Universidade Federal Rural do Semi-Árido*

e-mail: victoriakessiaarj@hotmail.com

Francisco Sérvulo de Oliveira Carvalho¹

¹*Universidade Federal Rural do Semi-Árido*

e-mail: fservulo.ocarvalho@gmail.com

Marcileide Almeida Amaral¹

¹*Universidade Federal Rural do Semi-Árido*

e-mail: marcileide.amaral@alunos.ufersa.edu.br

Lais Fernanda de Pontes Santos¹

¹*Universidade Estadual do Rio Grande do Norte*

e-mail: laispontes00@gmail.com

Caio Augusto Martins Aires¹

¹*Universidade Federal Rural do Semi-Árido*

e-mail: caio.aires@ufersa.edu.br

Sessão do trabalho: Micro-organismo patogênicos em alimentos.

Resumo: Polimixinas são antibióticos de última linha para tratar bactérias multirresistentes. A resistência a essa droga tem ocorrido devido à pressão seletiva causada pelo uso inadequado, principalmente na agricultura. A presença do gene plasmideal *mcr* é responsável pela disseminação horizontal da resistência as polimixinas, principalmente, através da cadeia de produção alimentar, reforçando a importância da vigilância na detecção da resistência neste setor. Objetivou-se analisar a prevalência de determinantes de resistência em genomas de cepas

carreadoras do gene *mcr* isoladas de alimentos e/ou animais produção no Brasil. Os dados dos genomas foram coletados em 13/09/22 a partir do banco de dados genômicos NCBI, utilizando a ferramenta *Pathogen Detection*. Utilizou-se os filtros: genótipo *mcr*; localização, Brasil; tipo de isolado, ambiental/outros. Foram coletados 67 genomas, destes, considerou-se apenas àqueles com o gene *mcr* completo e isolamento a partir de alimentos ou animais de produção. Assim, foram selecionados e analisados 23 genomas, sendo 18 *Salmonella enterica*, 04 *Escherichia coli* e 01 *E. fergusonii*). Dentre estes, apenas as variantes *mcr-1.1* e *mcr-9.1* foram detectadas. A maioria das cepas foram isoladas de produtos de frango, peru, porco ou do próprio animal. Dos genomas de *S. enterica*, 12 apresentavam genes de enzimas modificadoras de aminoglicosídeos (EMAs); dos genes de β -lactamases, 09 apresentavam *bla*_{TEM}, 02 *bla*_{CTX-M} e 01 *bla*_{CMY}. Além disso, 06 apresentavam genes *qnr* (resistência à quinolonas). Entre *Escherichia* spp., todas apresentaram genes *aadA* (EMA); 04 carreavam genes de resistência à sulfametoxazol/trimetoprim (*dfrA* e *sul*) e 03 apresentavam o gene *bla*_{CTX-M-2}; a presença de vários genes de bombas de efluxo (*acrF*, *emrD*, *mdtM*, *sat2* e *tet*) também foi detectada. Assim, destaca-se as associações entre o gene *mcr* e β -lactamases, reforçando a análise genômica como uma importante ferramenta na vigilância da disseminação de mecanismos de resistência em bactérias oriundas da cadeia produtiva de alimentos.

Palavras-chave: Resistência antimicrobiana; Cadeia produtiva alimentar; Genomas; Animais de produção.