Medicina Veterinária

IDENTIFICAÇÃO DOS DETERMINANTES GENÉTICOS DE RESISTÊNCIA A ANTIMICROBIANOS EM Brucella abortus

Elizabeth Beraldo - 9º módulo de Medicina Veterinária, DMV/UFLA

Vitor Moura de Menezes - 11º módulo de Medicina Veterinária, DMV/UFLA

Carine Rodrigues Pereira - Doutoranda em Ciências Veterinárias, DMV/UFLA

Andrey Pereira Lage - Professor, EV/UFMG

Vasco Ariston de Carvalho Azevedo - Professor, ICB/UFMG

Elaine Maria Seles Dorneles - Professora, DMV/UFLA - Orientador(a)

Resumo

A brucelose é uma zoonose bacteriana distribuída mundialmente, causada pelo gênero Brucella. No Brasil, a espécie de maior importância é a Brucella abortus, responsável por prejuízos na pecuária e danos na saúde pública, por ser uma doença de difícil diagnóstico e tratamento no homem. A partir de uma identificação prévia de dois isolados de B. abortus multirresistentes aos principais antimicrobianos utilizados no tratamento da brucelose humana, objetivou-se neste estudo detectar os determinantes genéticos relacionados aos fenótipos de resistência e multirresistência, raramente observados nesta espécie. Os isolados são provenientes de bovinos dos municípios de Curvelo e Bom Jesus do Amparo, Minas Gerais, ambos isolados em 2006. As duas amostras apresentaram resistência a estreptomicina e sulfa+trimetoprim, além de susceptibilidade intermediária a rifampicina. Um dos isolados apresentou adicionalmente resistência a ciprofloxacina e gentamicina. Para a identificação dos determinantes genéticos de resistência, as amostras tiveram seu DNA extraído (Wizard® Genomic DNA Purification Kit, Promega, EUA) e o genoma completo sequenciado na plataforma Illumina HiSeq 2500 (Illumina, EUA). As sequências foram submetidas a montagem com o programa Edena e a ordenação com o programa Contiguator. As regiões de lacunas foram preenchidas com os programas GFinisher e GapBlaster, além de fechamento manual no programa CLC (Qiagen, Alemanha). Após a obtenção dos genomas completos, os produtos foram depositados na plataforma NCBI (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/) e submetidos a análises de variantes gênicas nos programas MEGAX e Pairsnp. Foram identificados 280 polimorfismos, dos quais dois foram detectados em genes que codificam proteínas de canais de membrana celular, regulando sistemas de bombas de efluxo de diversas substâncias para o ambiente extracelular. Este mecanismo é relacionado à ocorrência de multirresistência a antimicrobianos em outros gêneros de bactérias, porem até então não havia sido relatado em B. abortus. A partir da compreensão sobre qual é de fato o impacto dos polimorfismos associados aos genes ligados a expressão de bombas de efluxo no fenótipo de multirresistência em B. abortus, será possível realizar o monitoramento da disseminação de resistência para o gênero Brucella e desenvolver estratégias alternativas de tratamento para indivíduos que apresentem um quadro clínico de brucelose sem remissão frente aos protocolos terapêuticos convencionais.

Palavras-Chave: brucelose, multirresistência, antibióticos.
Instituição de Fomento: Cnpq, Capes, Fapemig

Link do pitch: https://youtu.be/2OqrqT_9DMY