



XIX CONGRESSO NACIONAL I CONGRESSO INTERNACIONAL

O futuro mercado de suínos,
fundamentado pela ciência e
pelo conhecimento.

 **ABRAVES**
Associação Brasileira de Veterinários
Especialistas em Suínos

22 a 24
OUTUBRO
2 0 1 9
TOLEDO - PR

SANIDADE

Epidemiologia molecular da *Salmonella Choleraesuis* suína no Brasil

Molecular epidemiology of Salmonella Choleraesuis in Brazilian pig herds

Caroline Pissetti¹, Mariana Meneguzzi², Raquel Rebelatto³, Jalusa Deon Kich^{3*}

¹ Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC)

² University of Minnesota (UMN)

³ Embrapa Suínos e Aves.

Introdução

Devido ao aumento da frequência da salmonelose suína nos últimos anos, em estudo anterior, 111 cepas isoladas a partir de casos clínicos distribuídos nas diferentes regiões suínícolas do Brasil foram caracterizadas (Meneguzzi et al., 2017). O sorovar *Choleraesuis*, isolado de quadros septicêmicos, apresentou um grupo clonal majoritário pela análise por PFGE (92,1% das amostras), o que instigou a necessidade de estudar mais profundamente as relações clonais entre amostras.

Diante da importância clínica, aliada à falta de dados epidemiológicos, este estudo teve como objetivo caracterizar isolados de *S. Choleraesuis* de diferentes regiões do Brasil por meio de sequenciamento completo do genoma (WGS).

Material e métodos

Seis isolados casos de *S. Choleraesuis* originados de seis estados brasileiros, que apresentaram o mesmo perfil clonal por PFGE, foram selecionados e enviados para WGS no laboratório MicrobesNG. Após a disponibilização das sequências montadas foram realizadas as análises descritas a seguir.

Inicialmente o sorovar foi confirmado pelo software SeqSero 1.0 (Zhang et al., 2015). A tipificação da sequência multilocus (ST) foi realizada com o software MLST 2.0. Os genes de resistência antimicrobiana e perfil plasmidial foram determinados usando os softwares ResFinder 3.1 e PlasmidFinder 2.0. Todos os programas estão disponíveis no Center for Genomic Epidemiology. Os polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs) foram determinados através do pacote CSI Phylogeny 1.4 (Kaas et al., 2014), tendo

como referência a cepa *S. Choleraesuis* AE017220 e seguindo os parâmetros: (1) cobertura mínima de 10 pb; (2) distância mínima de 15 pb entre cada SNP; e (3) escore de qualidade mínimo para cada SNP de 30 (Pedersen et al., 2015).

Resultados e discussão

Todos isolados foram confirmados como sorovar *Choleraesuis*(7:c:1,5), pertencendo ao grupo ST-145. No banco de dados do MLST estão depositados 34 isolados com o ST-145, destes, apenas dois não tem confirmação de pertencerem ao sorovar *Choleraesuis*. Isolados do mesmo ST são considerados geneticamente relacionados (Laersen et al., 2012). Os seis isolados apresentaram de 11 a 47 SNPs distintos, confirmando os resultados obtidos no PFGE e MLST que este isolados pertencem ao mesmo complexo clonal (Pedersen et al., 2015). Este tipo de análise é resultado de um alinhamento do genoma central e restrita a regiões do genoma presentes em todos os isolados analisados, o que significa que informações do genoma acessório são descartadas (Schürch et al., 2018).

Todos os isolados apresentam multirresistência, sendo identificados genes de resistência para as seguintes classes: aminoglicosídeo (*aph(6)-Id*, *aac(6')-Iaa*, *aac(3)-IV*, *aph(4)-Ia*, *aph(3'')-Ib*); β -lactâmicos (*blaTEM-1A*); sulfonamidas (*sul2*); tetraciclina (*tet(B)*); e quinolonas com as seguintes mutações (*parC* mutação:p.T57S e *gryA* mutação:p.S83Y). Quatro isolados apresentaram gene de resistência para florfenicol (*florR*). Este gene é frequentemente encontrado em elementos móveis, como Integron de classe I (Frye e Jackson, 2013) podendo ser adquirido em função do uso do antimicrobiano. Somente um isolado apresentou um plasmídeo adicional (IncX4), que contém o gene *mcr1.1* (Campos et al., 2016), que confere resistência à colistina, também podendo estar relacionado com o uso deste fármaco.

Conclusão

Os isolados pertencem ao mesmo complexo clonal e estão presentes em diferentes regiões de produção de suínos do Brasil. Além disso, apresentam perfil de

multirresistência, com poucas diferenças em relação aos genes de resistência, que podem estar atribuídas aos diferentes protocolos de uso antimicrobianos.

Referências

- Campos et al. MCR-1 in multidrug-resistant and copper-tolerant clinically relevant *Salmonella* 1,4,[5],12:i:- and *S. Rissen* clones in Portugal, 2011 to 2015. Euro Surveill. 2016;21(26):pii=30270.
- Frye JG, Jackson CR. Genetic mechanisms of antimicrobial resistance identified in *S. enterica*, *E. coli*, and *Enterococcus* spp. isolated from U.S. food animals. Front. Microbiol. 2013;4:135.
- Kaas et al. Solving the Problem of Comparing WGS across different sequencing platforms. PLoS ONE 2014;9(8): e104984.
- Larsen et al. MLST of total-genome-sequenced bacteria. J Clin Microbiol. 2012;50(4):1355-61.
- Meneguzzi et al. *Salmonella* clinical isolates from Brazilian pig herds: genetic relationship and antibiotic resistance profiling. 12th Safepork; 2017.
- Pedersen et al. Reappearance of *Salmonella* serovar *Choleraesuis* var. *Kunzendorf* in Danish pig herds. Vet Microbiol. 2015;176(3-4):282-91.
- Schürch et al. WGS options for bacterial strain typing and epidemiologic analysis based on SNP versus gene-by-gene-based approaches. C Microb Infect. 2018;24(4):350-4.
- Zhang et al. *Salmonella* Serotype Determination Utilizing High-throughput Genome Sequencing Data. J Clin Microbiol. 2015;53(5):1685-92.