

Leonardo Almansa Cardoso¹; Ana Paula Guedes Frazzon²

¹ Estudante do Curso de Medicina Veterinária da UFRGS ; Laboratório de Microbiologia – ICBS/UFRGS, RS

² Professora Associado I do Departamento de Microbiologia – ICBS/UFRGS, RS

Introdução e Objetivo

O gênero *Enterococcus* está presente na microbiota gastrointestinal dos seres humanos e outros animais, em menor ou maior número, dependendo da espécie. Estudos recentes têm identificado diferentes fatores de virulência em cepas de enterococos, tais como, a gelatinase (*gelE*), a citolisina (*cylA*), a adesina de colágeno (*ace*) e a substância de agregação (*asa*). Fatores de virulência são moléculas que aumentam a habilidade de um micro-organismo sobreviver em um ambiente competitivo. Além disso, os enterococos são conhecidos por possuir um perfil de resistência múltipla aos antimicrobianos, esse fenômeno está relacionado à existência de genes codificadores de mecanismos que são capazes de alterar a ação de substâncias antimicrobianas, podendo ser observada tanto a resistência intrínseca, quanto a resistência adquirida. A prevalência de fatores de virulência e resistência entre os enterococos isolados de amostras alimentares, clínicos e de animais costumam ser bastante documentada, enquanto que pesquisas sobre a frequência em animais marinhos são escassas, isso pode ser explicado, em parte, devido à dificuldade em se obter amostras desses ambientes. Nesse sentido, os objetivos desse estudo foram: avaliar o perfil de suscetibilidade antimicrobiana, verificar a presença de genes relacionados à resistência e à virulência de enterococos isolados de amostras fecais de tartarugas marinhas encontradas no Litoral Norte do Rio Grande do Sul.

Material e Métodos

O perfil de suscetibilidade aos antimicrobianos de todos os isolados foi avaliado por meio do teste de disco-difusão em ágar, seguindo-se as recomendações do “Clinical and Laboratory Standards Institute” – CLSI (CLSI, 2014). A investigação da presença de determinantes genéticos que codificam resistência à tetraciclina [genes *tet(L)*, *tet(M)* e *tet(S)*] e à eritromicina [genes *erm(B)* e *msrC*] foi realizada somente nos isolados que apresentaram algum perfil de resistência a esses antimicrobianos. A detecção dos genes foi realizada através da técnica de PCR. A presença dos genes de virulência, *cylA* (citolisina), *gelE* (gelatinase), *ace* (adesina de colágeno) e *asa* (substância de agregação) foram avaliados em todos os isolados, também através da técnica de PCR.

Resultados

A maioria dos 158 isolados avaliados foram suscetíveis aos antimicrobianos testados, no entanto, fenótipos de resistência foram observados para eritromicina (34,2%), rifampicina (32,9%) e tetraciclina (0,63%). O gene envolvido com a resistência à eritromicina (*msrC*) foi encontrado em todos os *Enterococcus faecium* resistentes, já o gene *ermB*, não foi detectado. Somente um isolado foi resistente à tetraciclina e não apresentou nenhum dos genes testados. Os genes de virulência, *gelE* e *ace* (98,86%), *asa* (68,18%) e *cylA* (40,90%) foram detectados somente em *Enterococcus faecalis* (Figura 1). A atividade da gelatinase e da citolisina foram encontradas em 87 e 19 isolados, respectivamente.

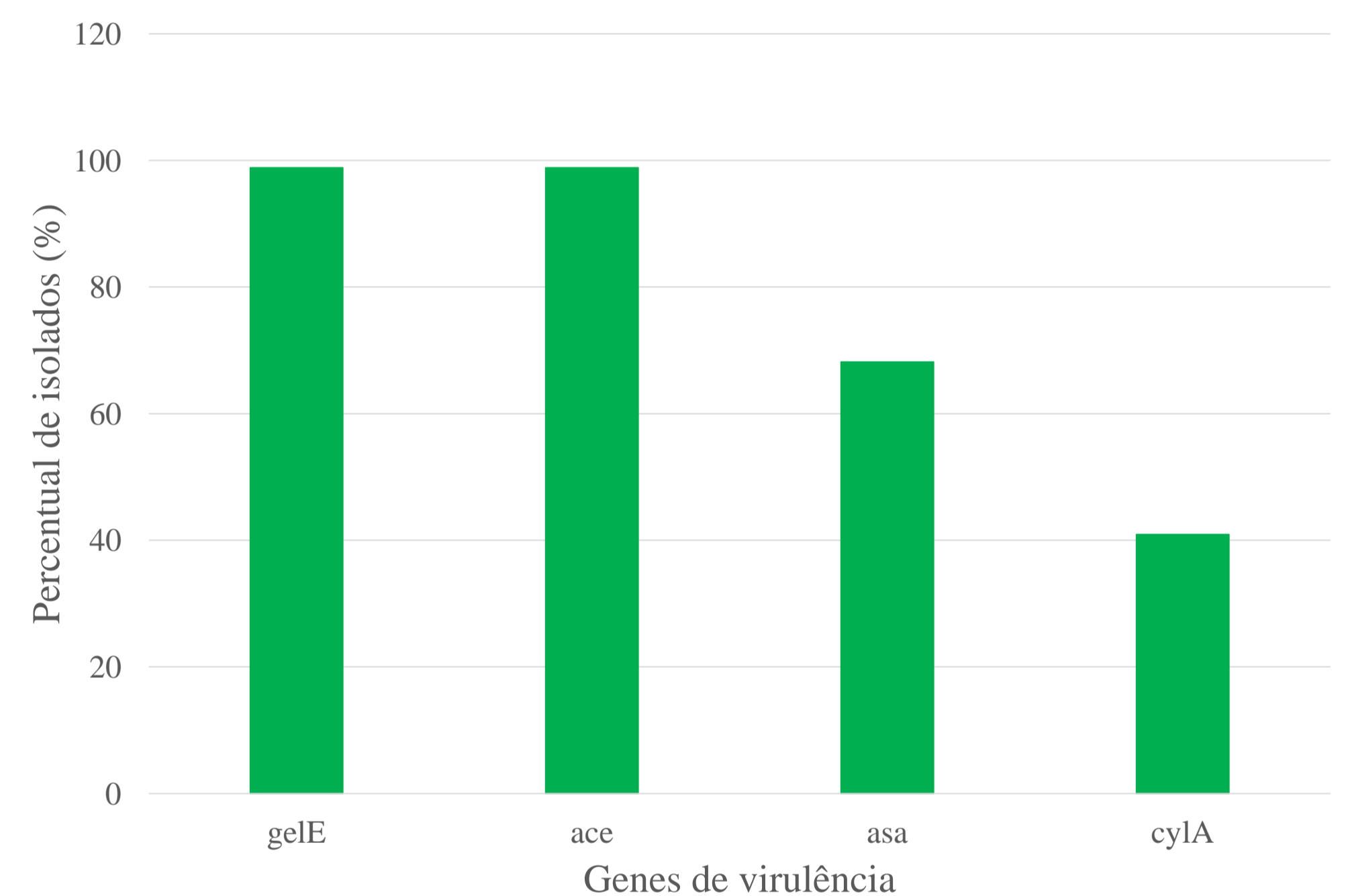


FIGURA 1. Prevalência de genes de virulência encontrados em *E. faecalis* isolados de tartarugas marinhas.

Conclusões

A presença de determinantes de resistência e virulência em enterococos isolados de tartarugas marinhas podem estar relacionadas a fatores antropogênicos ou ter origem no resistoma ambiental.

Referências

- ¹ LEBRETON, F.; WILLEMS, R.J.L.; GILMORE, M.S. Enterococcus Diversity, Origins in Nature and Gut Colonization. In GILMORE M.S.; CLEWELL DB; IKE Y; SHANKAR, N [editors]. *Enterococci: From Commensals to Leading Causes of Drug Resistant Infection*. Boston: Massachusetts Eye and Ear Infirmary, 2014.
- ² DONATO, ST; SIDRIM, JJC (orient). Comparação de métodos convencionais e semi-automatizados para identificação de *Enterococcus spp.* frente a *Biologia Molecular em identificações discrepantes*. 86 f. Dissertação (Mestrado). Universidade Federal do Ceará, Faculdade de Medicina, Fortaleza, Brasil, 2007.
- ³ KE, D; PICARD, F.J; MARTINEAU, F; MENARD, C; ROY, PH; OUELLETTE, M; BERGERON, MG. Development of a PCR assay for rapid detection of Enterococci. *J. Clin. Microbiol.*, v.37, p.3497-3503, 1999.
- ⁴ NACHTIGALL, G; JESUS, AG; ZVOBODA, DA; SANTESTEVEAN, NA; MINOTTO, E; MOURA, TM; D'AZEVEDO, P; FRAZZON, J; VAN DER SAND, S; FRAZZON, APG. Diversidade e perfil de suscetibilidade antimicrobiana de *Enterococcus sp.* isolados das águas do Arroio Dilúvio - Porto Alegre, RS, Brasil. *Revista Brasileira de Biociências, Porto Alegre*, v. 11, n. 2, p. 235-241, 2013.
- ⁵ TEIXEIRA LM; CARVALHO, MG; SHEWMAKER, PL; FACKLAM, RR. *Enterococcus*. In: VERSALOVIC, J.; CARROLL, K.C.; FUNKE, G.; JORGENSEN, J.H.; LANDRY, M.L.; WARNOCK, D.W. *Manual of Clinical Microbiology 10th ed.*, Washington, DC: American Society for Microbiology Press, p.350-364, 2011.
- ⁶ GONTANG, EA; FENICAL, W; JENSEN, PR. Phylogenetic diversity of gram-positive bacteria cultured from marine sediments. *Appl Environ Microbiol, United States*, v.73, p. 3272-3282, 2007.
- ⁷ Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI). Performance Standards for Antimicrobial Susceptibility Testing: Twenty-Third Informational Supplement. M100-S23, Wayne, PA, USA, 2013.
- ⁸ FRAZZON, APG; GAMA, BA; HERMES, V; BIERHALS, CG; PEREIRA, RI; GUEDES, AG; D'AZEVEDO, PA; FRAZZON, J. Prevalence of antimicrobial resistance and molecular characterization of tetracycline resistance mediated by *tet(M)* and *tet(L)* genes in *Enterococcus spp.* isolated from food in Southern Brazil. *World J Microbiol Biotechnol*, v.26, p.365-370, 2010.