Detecção do gene de resistência à colistina *mcr-9.1* em isolados de *Salmonella* spp. provenientes de carcaças e cortes de frango.

Evelyn Fernanda Flores Caron[1], Aryele Nunes da Cruz Encide Sampaio[1], Camila Koutsodontis Cerqueira Cézar[1], Fábio Sossai Possebon[1], Juliano Gonçalves Pereira[1]

[1.] Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Botucatu/SP, Brasil

A colistina é um antibiótico considerado de último recurso no tratamento de infecções multirresistentes. Seu mecanismo de ação ocorre através da ligação aos lipídios da membrana externa das bactérias, aumentando sua permeabilidade e causando lise celular. Esse mecanismo é particularmente eficaz, pois atinge um alvo estrutural diferente e muitas vezes inacessível aos beta-lactâmicos, especialmente em bactérias que desenvolveram resistência a outros antibióticos. A detecção de resistência à colistina mediada por genes *mcr* presentes em plasmídeos é alarmante, pois seu alto potencial de disseminação representa um risco significativo à eficácia dos tratamentos disponíveis. O objetivo do estudo foi avaliar a presença de genes de resistência antimicrobiana de isolados de *Salmonella* spp. oriundos de carcaças de frango obtidas entre os anos de 2004 – 2019, estabelecendo uma comparação temporal. O perfil genotípico foi obtido através da realização do sequenciamento de genoma completo. Para isso, os isolados foram cultivados em caldo BHI por 37°C/18-24 h, após seu DNA extraído com o kit PureLink™ Genomic DNA Mini Kit (Thermo-Fisher, Waltham, MA, USA). As bibliotecas foram preparadas com o kit SureSelectQXT (Agilent Technologies, Santa Clara, CA, USA) e sequenciadas com a plataforma Illumina MiSeq. Os dados obtidos foram analisados utilizando os softwares: FastQC para a análise da qualidade das sequências; Trimmomatic para retirar sequências ou parte delas que são indesejáveis nas análises; A5-MiSeq para a montagem de contigs e scaffolds. As anotações obtidas através do mapeamento com o banco de dados UniProtKB e os genes avaliados com o pipeline do ResFinder. Foi identificada uma ampla gama de genes de resistência a diversas classes de antimicrobianos. Notavelmente, o gene de resistência à colistina *MCR-9.1* foi detectado em dois isolados: um isolado do sorovar Bredeney obtido em 2004 e outro do sorovar Heidelberg obtido em 2019. Desde a identificação do gene *mcr-1*, foram descritas nove outras variantes desse gene, abrangendo de *mcr-2* a *mcr-10*. *Salmonella* enterica é o segundo portador mais frequente dos genes *mcr*. A propagação de genes *mcr* em *Salmonella* spp. pode estar relacionada ao uso contínuo de colistina em aves e suínos, criando uma pressão seletiva favorável ao surgimento de bactérias resistentes à colistina. A presença de cepas resistentes em animais, podem contaminar produtos finais, como carne e ovos, o que leva a um risco iminente de infecção em humanos. Em um cenário de crescente resistência antimicrobiana, onde as opções de tratamento estão se tornando cada vez mais limitadas, a presença de genes *mcr* não deve ser negligenciada, especialmente em patógenos zoonóticos significativos para a saúde pública. O sequenciamento genético é uma ferramenta essencial para compreender os mecanismos de resistência e acompanhar a disseminação de genes que conferem resistência a antimicrobianos importantes para a saúde pública.

Agradecimentos: Agência de financiamento: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e

Tecnológico – (CNPq). Laboratório de Orientação a Alimentação Pública (SOAP) - FMVZ/Botucatu-SP. Instituto de Biotecnologia (IBTEC) - UNESP/Botucatu-SP.