

## V55 - RESISTÊNCIA A ANTIBIÓTICOS $\beta$ - LACTÂMICOS EM *Aeromonas*

José Ribeiro de Araújo Júnior (BIC/UCS), Ana Paula Longaray Delamare, Sérgio Echeverrigaray - Deptº Ciências Biológicas/UCS - [junior.bio@gmail.com](mailto:junior.bio@gmail.com)

*Aeromonas* são bacilos Gram-negativos, redutores de nitrato e nitrito, oxidases positivos, pertencentes à família Aeromonadaceae. Ocorrem em ambientes aquáticos e terrestres, e causam infecções em animais e humanos. As *Aeromonas* são conhecidas produtoras de  $\beta$ -lactamases, enzimas que catalisa a hidrólise do anel  $\beta$ -lactâmico, codificadas por genes cromossômicos e eventualmente plasmidiais. Entre as  $\beta$ -lactamases descritas em *Aeromonas* destacam-se metalo- $\beta$ -lactamases, serino- $\beta$ -lactamases, e  $\beta$ -lactamases de efeito expandido (ESBLs). O objetivo do presente trabalho foi estudar a base genética e atividade enzimática das  $\beta$ -lactamases produzidas por um conjunto de isolados de *Aeromonas*, previamente selecionados com base no seu perfil de resistência a oito antibióticos  $\beta$ -lactâmicos. A resistência a antibióticos foi avaliada através de antibiogramas. A sensibilidade a ácido clavulânico foi determinada através do teste de comparação de halos de inibição utilizando-se quatro antibióticos de referência. As concentrações inibitórias mínimas (CIM) foram determinadas através do teste de diluições seriadas (0 a 1000mg/L) em microplacas. A presença de genes de resistência a antibióticos  $\beta$ -lactâmicos foi determinada por PCR utilizando primers específicos para genes cromossômicos e plasmidiais. De um total de 62 isolados, foram selecionados quatro (IBAer 114, IBAer 130, IBAer 117 e IBAer 107) com base nos seus perfis de resistência a  $\beta$ -lactâmicos. Todas as bactérias apresentaram CIM superior a 1000mg/L de ampicilina. Entretanto, variações foram observadas na CIM para cefoxitina e ceftriaxona entre os isolados, e apenas o isolado IBAer 114 apresentou resistência a ceftazidima com CIM de 125 mg/L. Quando testados para presença de ESBL, apenas a linhagem IBAer 114 apresentou padrão compatível com estas enzimas. Quanto à presença de genes codificadores de  $\beta$ -lactamases, todas as linhagens apresentaram pelo menos um gene cromossômico de resistência. Além destas, a linhagem IBAer 114 exibiu a presença de dois genes de ESBLs (TEM e CTX), e uma serino- $\beta$ -Lactamase (AmpC). Os resultados mostram a importância potencial das *Aeromonas* como organismos mantenedores e de transferência de resistência a antibióticos, particularmente  $\beta$ -lactâmicos.

Palavras-chave: *Aeromonas*, ESBLs,  $\beta$ -lactamases

Apoio: UCS