

Avaliação de multirresistências em estirpes de *Campylobacter* spp. isoladas de diferentes espécies de aves abatidas para consumo humano em Portugal

Margarida Penteado¹, Sónia Ramos¹, Margarida Alves¹, Adriana Belas¹, Isabel Santos¹, Ana Lima¹, Joana Mota¹, Laurentina Pedroso¹, João Paulo Gomes^{1,2}, Alexandra Nunes^{1,2}, Mónica Oleastro³

¹ Universidade Lusófona de Humanidades e Tecnologias, Faculdade de Medicina Veterinária de Lisboa, Portugal; ² Núcleo de Genómica e Bioinformática, Departamento de Doenças Infecciosas, Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge, Lisboa, Portugal; ³ Laboratório de Referência das Infecções Gastrointestinais, Departamento de Doenças Infecciosas, Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge, Lisboa, Portugal.

Email: margarida.peateado@gmail.com

INTRODUÇÃO

- *Campylobacter jejuni* e *C. coli* são os principais e mais comuns agentes responsáveis por diarreia bacteriana aguda em humanos e enterite grave na União Europeia (EU) [1].
- Estas bactérias colonizam a mucosa intestinal de todos os animais, sendo as aves os seus hospedeiros preferenciais e a principal fonte de transmissão de campilobacteriose ao Homem.
- Estes animais recebem, de forma profilática, antibióticos durante o seu ciclo de vida, contribuindo assim para a transmissão de resistências àqueles que os manuseiam e/ou consomem a sua carne mal cozinhada [1, 2].
- Desde 2021, a EU tornou obrigatória a monitorização e notificação da resistência aos antimicrobianos também em *C. coli*, para além de *C. jejuni*, em amostras de frangos e perus [3]. Em Portugal, dados sobre a resistência de *C. coli* nestes animais são ainda escassos.

OBJETIVOS

- Compreender qual a frequência de *C. coli* e *C. jejuni* em amostras de aves abatidas para consumo humano e, caracterizar fenotipicamente os isolados de *Campylobacter* spp. identificados.

MATERIAIS & MÉTODOS

- Durante 4 meses, foram colhidas amostras do conteúdo cecal de aves em 6 matadouros diferentes.
- O isolamento microbiológico foi realizado de acordo com a norma ISO 10272-1:2017 (E). Todos os isolados suspeitos foram confirmados e identificados por MALDI-TOF.
- A suscetibilidade de isolados de *Campylobacter* spp. a 7 antibióticos, criticamente importantes e/ou com relevância epidemiológica, foi testada pelo método de difusão em disco e interpretada de acordo com os critérios EUCAST e Sociedade Francesa de Microbiologia.

RESULTADOS

- No total, foram colhidas 137 amostras (90 de frangos e 47 de perus), a maioria proveniente de aviários da região centro do país (Fig. 1). *Campylobacter* spp. apenas foi detetado nas amostras de frango, onde a prevalência de isolados positivos e identificados como *C. coli* foi de 5,11% (7/137). Não foi detetado *C. jejuni*.

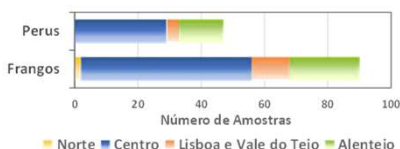


Figura 1 | Proveniência (NUTS II) das amostras em estudo.

- Para 55 amostras (24 frangos e 31 perus), foram ainda detetadas colónias "*Campylobacter-like*", 4 das quais foram identificadas por MALDI-TOF como *Enterococcus faecium* (n=2), *Corynebacterium durum* (n=1) e *Bifidobacterium* spp. (n=1), enquanto 6 amostras foram identificadas por WGS como *Helicobacter pullorum*, um patógeno emergente. Dada a semelhança fenotípica das colónias na maioria das 55 amostras positivas, é provável que *H. pullorum* seja a espécie mais prevalente na amostragem de aves estudada.

- 85,7% dos 7 isolados de *C. coli* exibiu um perfil de multirresistência (MDR) à ciprofloxacina (CIP), tetraciclina (TET), eritromicina (ERI) e ampicilina (AMP) (Fig. 2). Um destes isolados MDR apresentou ainda suscetibilidade diminuída à combinação de amoxicilina com ácido clavulânico (AMC). Todos os isolados demonstraram sensibilidade ao ertapenemo (ERT) e à gentamicina (GEN).

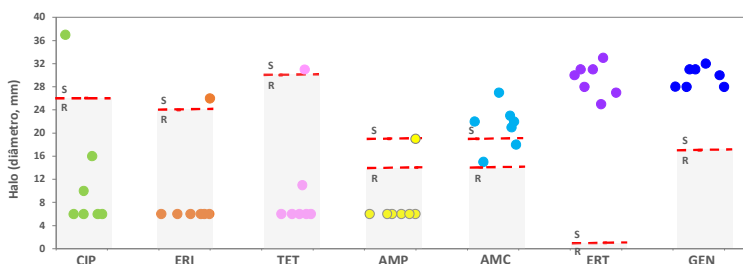


Figura 2 | Suscetibilidade dos 7 isolados de *C. coli* aos vários antibióticos testados. Para cada antibiótico, os diâmetros dos halos exibidos pelos vários isolados estão representados por bolas coloridas, enquanto as linhas vermelhas a tracejado ilustram os valores de *breakpoint* estabelecidos. Regiões sombreadas a cinzento representam os intervalos de halo correspondentes a valores de MIC acima do limite de *breakpoint* de resistência.

CONCLUSÕES

- Apesar de *Campylobacter* spp. não ter sido identificado em perus, isolados multirresistentes de *C. coli* foram detetados em amostras de frango abatidos para consumo humano. Este cenário é preocupante, uma vez que estes genes de resistência podem ser transmitidos entre bactérias, mas também a outros animais e aos humanos.
- Este estudo aponta para a necessidade urgente de reforçar a pesquisa de *C. coli* em amostras de aves para consumo humano e monitorizar a sua resistência aos antimicrobianos.

REFERÊNCIAS

- [1] Kempf et al. (2017) *Front. Microbiol.* doi:10.3389/fmicb.2017.00955
 [2] Casagrande Proietti et al. (2018) *Poultry Science.* doi:10.3382/ps/pey147
 [3] EFSA et al. (2021) *EFSA Journal.* doi: 10.2903/sp.efsa.2021.EN-6652

FINANCIAMENTO

- Este trabalho insere-se no projeto estratégico "ResisCampyOH - Multidrug resistant *Campylobacter jejuni* and *Campylobacter coli* in Portugal: a *One Health* study to understand the sources, transmission and persistence", financiado pela FMV-ULHT em 2022-2023.