

Campylobacter em géneros alimentícios: Resistências aos antimicrobianos e diversidade genética

Andrea Santos¹, João Carlos Rodrigues¹, Cristina Belo Correia², Margarida Saraiva², Mónica Oleastro¹

1. Departamento de Doenças Infecciosas, Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge, I.P.
2. Departamento de Alimentação e Nutrição, Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge, I.P.

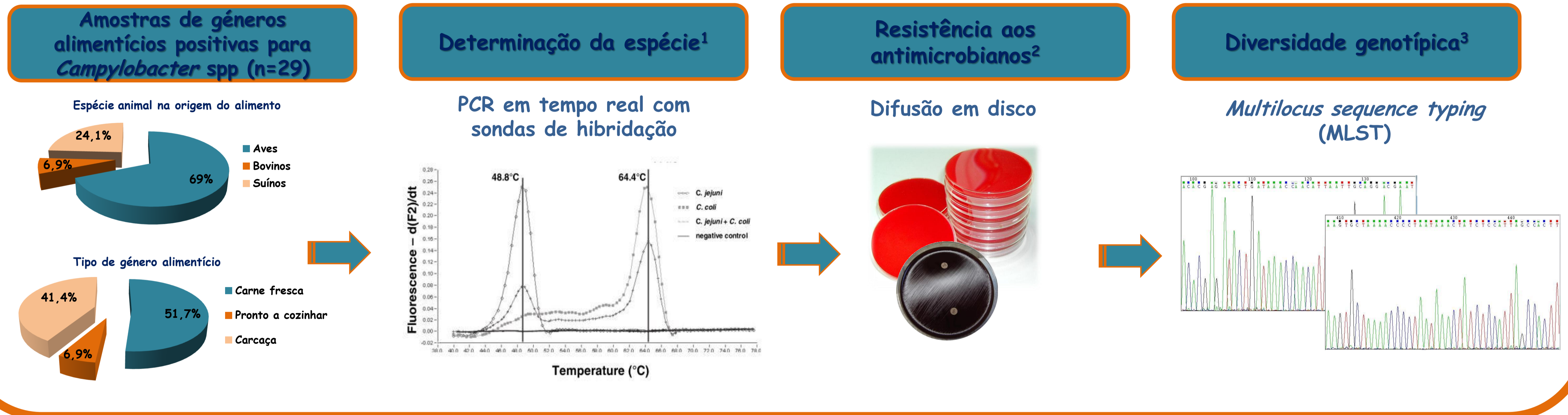
Enquadramento

A campilobacteriose é considerada a principal causa de gastroenterite aguda de origem bacteriana em seres humanos, nos países desenvolvidos. A dose infectante geralmente é baixa (<500 unidades formadoras de colónias) e as espécies mais frequentemente associadas a estas infeções são *C. jejuni*, seguido de *C. coli* e *C. lari*. Nos indivíduos mais frágeis podem ocasionar infeções extra intestinais, designadamente septicemia, e complicações secundárias graves, como meningite, pancreatite, artrite, peritonite, hepatite e endocardite. Esta infeção está associada principalmente ao consumo de leite não pasteurizado e de carnes pouco cozinhadas. As aves são o principal reservatório do agente patogénico, sendo a disseminação facilitada pela ocorrência de contaminações cruzadas. A utilização indiscriminada de antibióticos na produção animal e para fins veterinários, tem contribuído para o aumento do número de estirpes de *Campylobacter* resistentes aos antimicrobianos, e consequentemente, para o aumento do número de isolados humanos multirresistentes.

Objetivo

Monitorizar a resistência aos antimicrobianos e avaliar a diversidade genética de estirpes de *Campylobacter* spp., isoladas em géneros alimentícios de produção nacional, entre Outubro e Dezembro 2012.

Materiais e Métodos



Resultados

• Foram identificadas 24 estirpes da espécie *Campylobacter coli* (*C. coli*) e 5 da espécie *C. jejuni*.

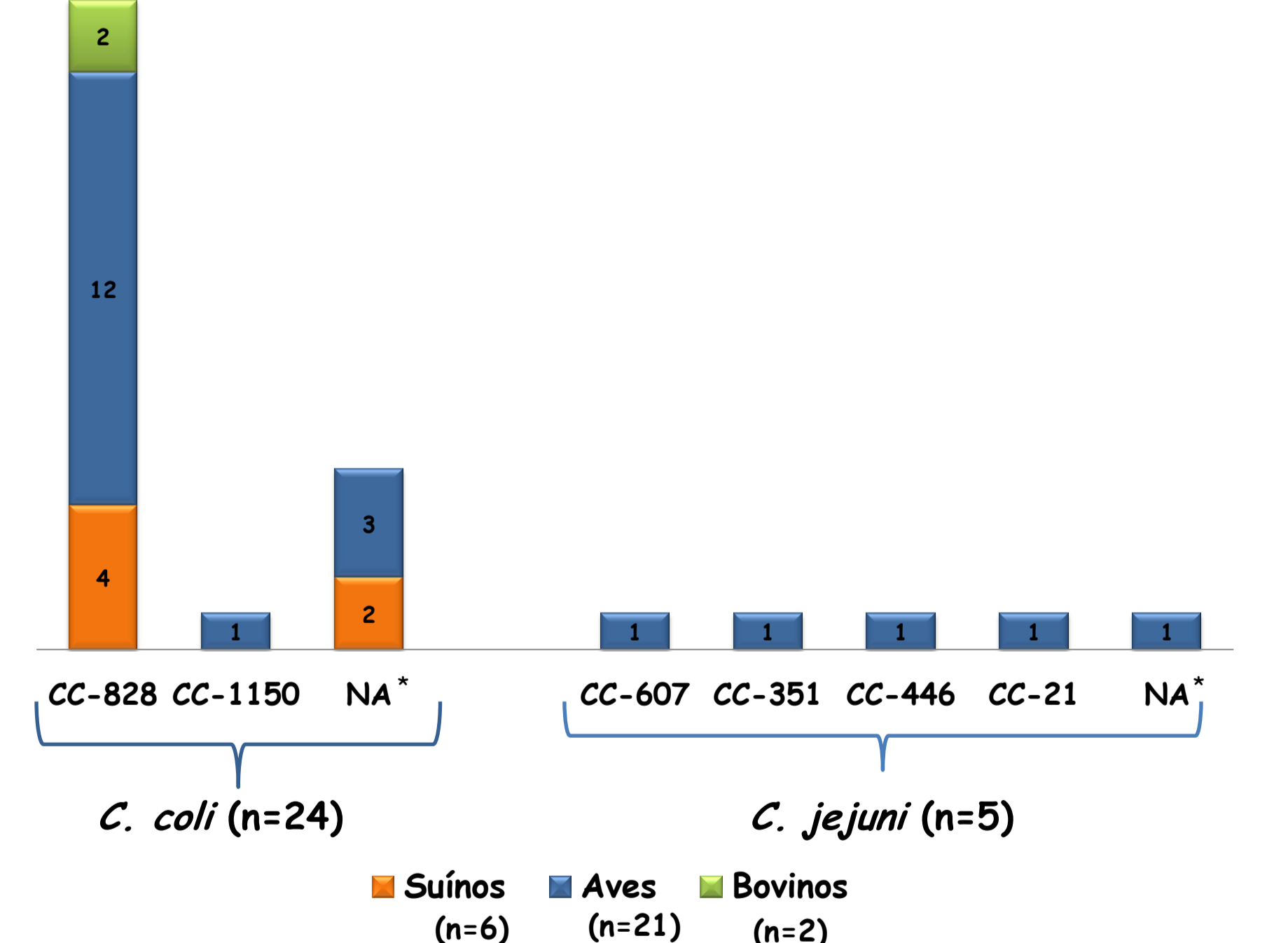
• Foi observada uma elevada taxa de resistência aos antimicrobianos (Tabela 1); 31% das estirpes apresentaram resistência aos três antibióticos em simultâneo, sendo classificadas como multirresistentes.

• As estirpes de *C. coli* são geneticamente mais conservadas, identificando-se um complexo clonal predominante (CC-828), contrariamente ao observado para as estirpes de *C. jejuni*, todas de complexos distintos (Figura 1).

Tabela 1- Perfil de resistência das 29 estirpes de *Campylobacter* spp. isoladas de géneros alimentícios.

Antibióticos	% Resistência global	% Resistência <i>C. coli</i> (n=24)	% Resistência <i>C. jejuni</i> (n=5)
Ciprofloxacina	93,1	75,0	100,0
Tetraciclina	82,8	79,2	60,0
Eritromicina	34,5	29,2	60,0
Tripla resistência	31,0		

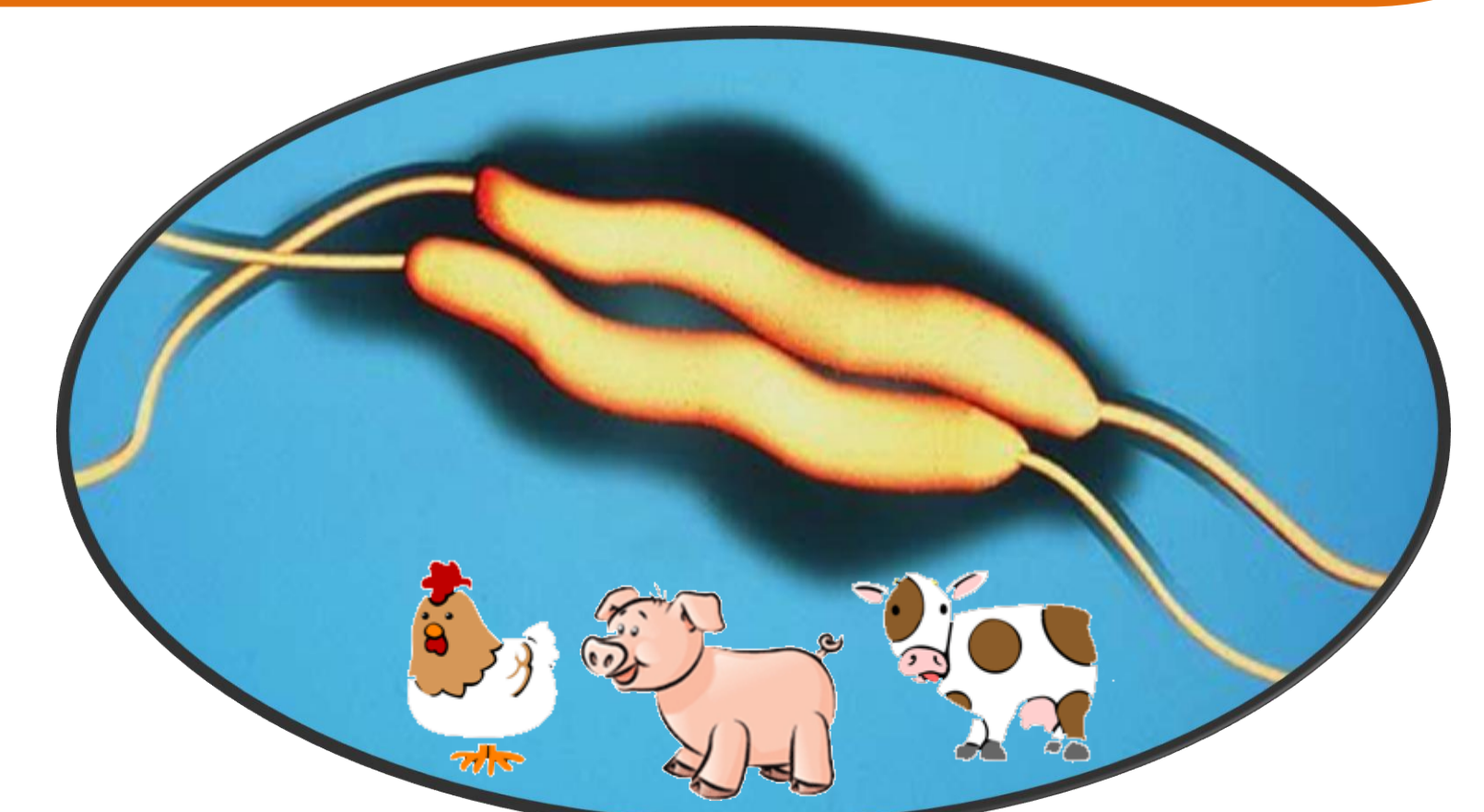
Figura 1-Diversidade genómica das estirpes de *Campylobacter* spp. por MLST



Conclusões

Destacamos:

- o isolamento de estirpes patogénicas de *Campylobacter*, sobretudo *C. coli*, em géneros alimentícios de diferentes origens animais (aves, bovinos e suínos);
- a elevada taxa de resistência destas estirpes, zoonóticas de origem alimentar, a antimicrobianos utilizados em terapêutica humana;
- a necessidade de implementar uma vigilância epidemiológica integrada deste microrganismo em Portugal, envolvendo as vertentes humana, veterinária e alimentar.



REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS:

¹ Ménard A, Dacht F, Prouzet-Mauleon V, Oleastro M, Mégraud F. Development of a real-time fluorescence resonance energy transfer PCR to identify the main pathogenic *Campylobacter* spp. Clin Microbiol Infect. 2005;11(4):281-7.

²Eucast, proposed ECOFFS and clinical breakpoints for *C. jejuni* and *C. coli*, August 2012.

³MLST *Campylobacter* database website (<http://pubmlst.org/campylobacter>)