

Título: Resistência antimicrobiana e caracterização molecular de estirpes de *Salmonella enterica* serotipo *Typhi* isolados em amostras humanas Luanda, Angola entre 2013-2014.

Autores: Moisés Francisco^{a,b,c}, Sofia Santos Costa^c, Adriana Belas^d, Jorge Ramos^c, Isabel Couto^c, Constança Pomba^d, Miguel Viveiros^{c,*}

Afilições: ^aFaculdade de Medicina, Universidade Agostinho Neto Luanda, Angola; ^b Instituto Nacional de saúde Pública; ^cGlobal Health and Tropical Medicine, GHTM, Unidade de Microbiologia Médica, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, IHMT, Universidade Nova de Lisboa, UNL, Lisboa, Portugal; ^dLaboratório de Resistência aos Antibióticos e Biocidas - CIISA, Faculdade de Medicina Veterinária - Universidade de Lisboa, Lisboa, Portugal

Introdução: A febre entérica é uma infecção comum e problemática em África. Em Angola os dados epidemiológicos de *Salmonella enterica* serotipo *Typhi* referentes a resistência antimicrobiana são escassos limitando a terapêutica.

Objetivos: Determinar a susceptibilidade aos antimicrobianos e caracterizar geneticamente as estirpes de *Salmonella entérica Ser. Typhi* isoladas de pacientes com febre tifóide em Luanda.

Metodologia: Dez isolados de *Salmonella typhi*, foram identificados pelo sistema API20E e confirmação feita por PCR. A susceptibilidade aos antimicrobianos foi feita pelo sistema de Microdiluição MicroScan e E-test. Foi feita a deteção de genes de resistência aos β-lactâmicos (*bla*_{CTX-M}, *bla*_{SHV} e *bla*_{TEM}, *bla*_{CIT}, *bla*_{FOX}, *bla*_{MOX}, *bla*_{DHA}, *bla*_{MIR}, *bla*_{ACT}), sulfonamidas (*sul1*, *sul2*), trimetoprim (*dfrA1*, *dfrA12*), fenicolis (*cmiA*, *floR*) e quinolonas (*qnrA*, *qnrB*, *qnrS*, *qnrC*, *qnrD*). Para análise da clonalidade epidemiológica das estirpes foi realizado Multilocus sequence typing (MLST) e Pulsed field gel electrophoresis (PFGE).

Resultados e conclusões: Em seis estirpes foi detetada resistência a antimicrobianos, sendo o perfil de resistência mais frequente: ampicilina, ampicilina/sulfabactam e trimetoprim / sulfametoxazol (*n*=4/10), seguindo-se os perfis: ampicilina e trimetoprim / sulfametoxazol (*n*=1/10), cloranfenicol e trimetoprim / sulfametoxazol (*n*=1/10). O gene *sul 1* foi detetado em 60% (*n*=6/10) das estirpes. Em relação à clonalidade o PFGE revelou três pulso-tipos e um deles com oito estirpes relacionadas. A maioria das estirpes pertencem ao ST2 (*n*=8/10), seguindo-se ST1 (*n*=1/10) e ST8 (*n*=1/10), pertencendo ao mesmo complexo clonal CC13.



Em conclusão, estes resultados mostram a necessidade de contínua monitorização da resistência aos antimicrobianos e da importância de vigilância epidemiológica das Salmoneloses em Angola, no contexto de saúde pública.

Bibliografia:

- Akhtar, S., *et al.* (2015). Crit Rev Microbiol: 41(4):536-45.
- Kariuki, S., *et al.* (2015). Vaccine. 33 Suppl 3:C21-9-
- Kien-Pong. Y., *et al.*, (2016). Front Microbiol: 7:270.