
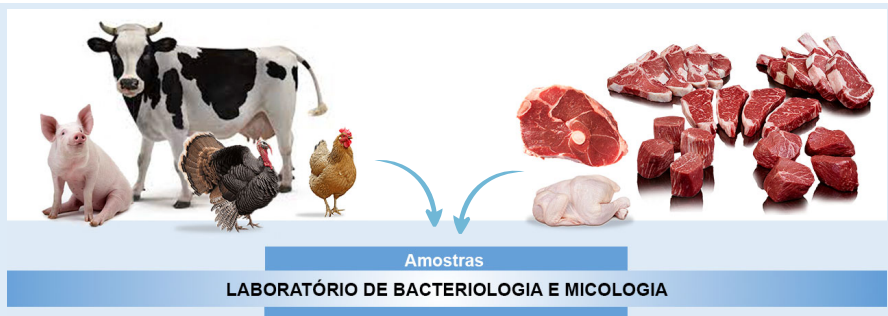




O projeto  **CIAinVET** estuda o potencial epidêmico da resistência aos antibióticos de importância crítica (CIA) em bactérias comensais e zoonóticas de origem animal utilizando tecnologias genômicas.

O programa de vigilância de resistência aos antimicrobianos em animais da cadeia alimentar (PVRAM), desenvolvido em colaboração com a Direção Geral de Alimentação e Veterinária (DGAV), o INIAV processa as amostras recolhidas ao abate e no retalho.



Bactérias indicadoras e zoonóticas de origem animal resistentes a antibióticos Quais são estudadas?

As bactérias isoladas são caracterizadas quanto ao seu perfil de suscetibilidade a várias classes de antibióticos para determinação da Concentração Mínima Inibitória (CIM).

Bactérias indicadoras

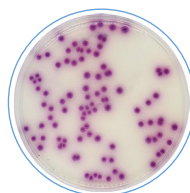


Escherichia coli

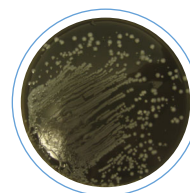


Enterococcus spp.

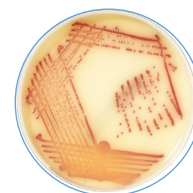
Bactérias zoonóticas



Salmonella spp.



Campylobacter spp.



Staphylococcus aureus resistentes à metilina (MRSA)

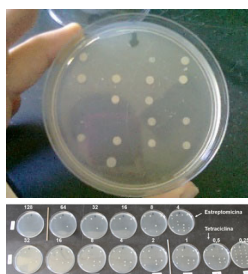
O teste de suscetibilidade aos antibióticos pode ser efetuado por diferentes metodologias

Microdiluição

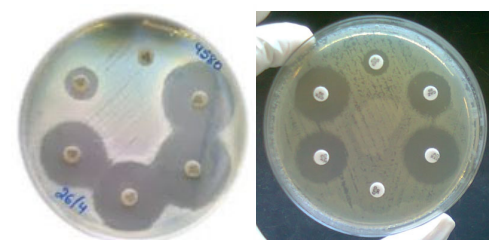


Nas técnicas de microdiluição e diluição em agar, a CIM é determinada pela concentração mínima de antibiótico onde não ocorre crescimento de bactérias.

Diluição em agar



Difusão em disco



No método de difusão de disco, lê-se o diâmetro do halo formado em torno do antibiótico (metodologia qualitativa)

A interpretação dos resultados, **resistente versus suscetível**, é feita de acordo com normas Europeias definidas pelo Comité Europeu de Suscetibilidade Antimicrobiana (EUCAST).

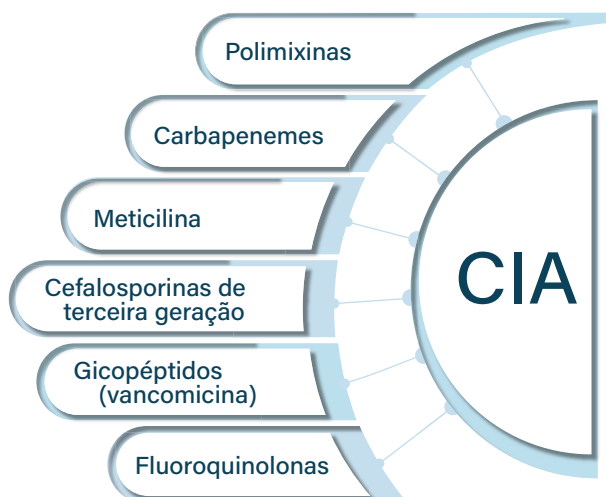
As **bactérias multirresistentes (MDR)** possuem resistência, no mínimo, a três antibióticos de classes diferentes.



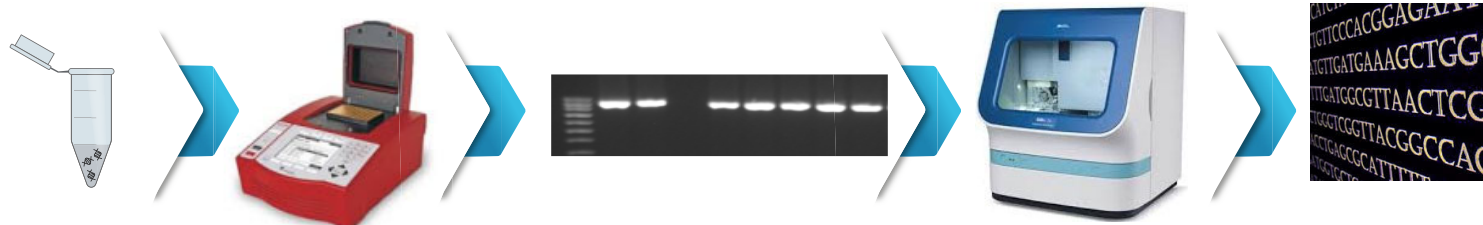
As bactérias com perfil de resistência aos antibióticos de importância crítica (CIA) são caracterizadas genotipicamente.

Perfil de resistência
FENÓTIPO

Genes
GENÓTIPO



Nas bactérias com perfil de ESBL (produtoras de beta-lactamases de espectro estendido) ou AMPc (produtoras de beta-lactamases do tipo AmpC) vão ser identificados os **genes de resistência** por técnicas moleculares: PCR (reação em cadeia da polimerase) e sequenciação de Sanger.



- O **genoma das bactérias** é sequenciado pela plataforma Illumina.
- Os dados obtidos são analisados recorrendo a ferramentas bioinformáticas e bases de dados.



Os genes de resistência e virulência, serotipo, patogenicidade, elementos genéticos móveis (por exemplo, plasmídeos), e outros dados genómicos, tais como o ambiente genético dos genes, são identificados.