



DOI: <http://dx.doi.org/10.21270/archi.v5i0.1334>

GradO-006

Marcadores de resistência às tetraciclinas no biofilme microbiano: principais genes e distribuição na microbiota residente

Bárbara Paula **DIAS**, Lícia Clara Garcia **BELIZÁRIO**, Warley **CAMPOS**, Ellen Cristina **GAETTI-JARDIM**, Ana Cláudia **OKAMOTO**, Elerson **GAETTI-JARDIM JÚNIOR**

Departamento de Patologia e Propedêutica Clínica, Faculdade de Odontologia de Araçatuba, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – UNESP, Araçatuba – SP, Brasil

As drogas do grupo das tetraciclinas foram amplamente utilizadas por apresentarem amplo espectro de ação e atividade inibitória sobre algumas enzimas leucocitárias e bacterianas. A resistência a esses fármacos se alastrou e seu emprego clínico acabou comprometido. Esse estudo avaliou a distribuição dos genes de resistência às tetraciclinas em 570 isolados de microrganismos anaeróbios facultativos e obrigatórios obtidos de infecções de cabeça e pescoço, de 2000 a 2015. Os isolados eram submetidos a testes de susceptibilidade à tetraciclina pelos métodos de difusão em ágar (anaeróbios facultativos) ou diluição da droga em ágar (anaeróbios obrigatórios). O DNA das amostras resistentes foi extraído e a presença dos genes *tet* (A, B, C, D, E, G, K, L, M, O, Q, S e T) foi avaliada por meio da amplificação do DNA por meio da reação em cadeia da polimerase utilizando-se iniciadores e condições específicas para cada marcador. Entre os facultativos, 31,2% foram resistentes, com destaque para *Pseudomonas aeruginosa* (68,2%), e os marcadores mais frequentes foram *tetA*, *tetM* (18,7%) e *tetB* (16,0%). Entre os anaeróbios obrigatórios a resistência foi observada em 8,1% dos isolados e os marcadores mais frequentes foram *tetM* e *tetQ*. Os dados foram submetidos ao teste T-Student e teste de correlações de Spearman. Os resultados mostraram que a resistência à tetraciclina está associada à resistência a outras drogas entre os anaeróbios facultativos, ao passo que entre os anaeróbios obrigatórios sua ocorrência foi significativamente mais elevada entre *Parvimonas micra* (20%) e *Porphyromonas gingivalis* (15%). Concluiu-se que a utilização sistêmica desses fármacos esbarra na disseminada resistência e muito variados são os marcadores encontrados entre microrganismos isolados de infecções bucais.

Descritores: Antibacterianos; Resistência Microbiana a Medicamentos; Genética.

Agradecimentos/Apoio Financeiro: FAPESP (Processo 12/54851-0)