

Oeiras, 7 de setembro de 2021

Bactérias multirresistentes nos PALOP

Estudo revela a presença de Staphylococcus aureus resistente a diferentes antibióticos em Cabo Verde

A primeira análise genómica de uma coleção de *Staphylococcus aureus* isolados das fossas nasais de doentes e profissionais de saúde num país Africano acaba de ser publicada por uma equipa de investigadores Europeus e Africanos, incluindo o Laboratório de Genética Molecular do ITQB NOVA e a Escola Superior de Saúde da Cruz Vermelha Portuguesa de Lisboa. A análise tem por base o trabalho iniciado há quase 25 anos, quando a equipa liderada por Hermínia de Lencastre, do ITQB NOVA, realizou o primeiro estudo de vigilância sobre *S. aureus* em hospitais de Cabo Verde. Na altura, não foram encontradas amostras desta bactéria resistentes à metilina (conhecidos como MRSA) - uma situação que se alterou substancialmente desde então.

O *S. aureus* é uma bactéria muito comum nos seres humanos, capaz de se tornar patogénica em indivíduos com defesas imunitárias reduzidas. É responsável por uma grande variedade de infeções, desde infeções da pele e tecidos moles a doença invasiva. A sua elevada capacidade de adquirir resistência aos antimicrobianos e a sua virulência levaram ao aparecimento de estirpes multirresistentes, como os MRSA, que constitui uma das principais ameaças bacterianas a nível mundial. Esta superbactéria foi responsável por 34,8% das infeções invasivas por *S. aureus* em Portugal em 2019, valor muito acima da prevalência média europeia de 15,5%. Os estudos de vigilância epidemiológica, assim como a sua caracterização fenotípica e genotípica, são da maior importância para a conceção e implementação de programas eficazes de controlo de infeções. Para além disso, indivíduos portadores desta bactéria nas fossas nasais correm um maior risco de infeção, e enquanto portadores assintomáticos atuam como importantes reservatórios de bactérias resistentes entre a população.

Estudos sobre as taxas de prevalência de colonização por MRSA nos Países Africanos de Língua Oficial Portuguesa (PALOP), que têm uma estreita relação demográfica e económica com Portugal – foram, durante muitos anos, quase inexistentes. A equipa liderada por Hermínia de Lencastre tem-se dedicado ao tema desde 1997, quando foi realizado o primeiro estudo de vigilância nos hospitais de Cabo Verde sob a supervisão de Marta Aires de Sousa, na altura membro da equipa de investigação do ITQB NOVA. "Pacientes e profissionais de saúde foram submetidos ao rastreio nasal para determinar a presença de *S. aureus*, mas nessa altura não foi identificada nenhuma amostra de MRSA", explica Hermínia de Lencastre.

Em 2013 e em 2014 foram realizados novos rastreios em hospitais de Cabo Verde no âmbito de um projeto coordenado por Marta Aires de Sousa, presidente do Conselho de Direção da Escola Superior de Saúde da Cruz Vermelha Portuguesa - Lisboa, em colaboração com Hermínia de Lencastre e Teresa Conceição, do ITQB NOVA. A vigilância foi alargada a outros países PALOP, nomeadamente São Tomé e Príncipe e Angola, bem como a Timor Leste. Num total de 2.065 amostras nasais recolhidas, a prevalência de MRSA foi muito elevada em Angola (61,6%), moderada em São Tomé e Príncipe (25,5%), baixa em Cabo Verde (5,6%), e nula em Timor Leste. "Os resultados do projeto foram transmitidos e apresentados localmente nos PALOP para apoiar as estratégias de controlo de infeção locais", explica Marta Aires de Sousa.

Dada a disponibilidade das amostras e o extraordinário potencial da sequenciação genómica para o estudo de *S. aureus*, foi realizada uma caracterização aprofundada da coleção de amostras de Cabo Verde recolhidas nos três períodos de vigilância (1997, 2013 e 2014). O estudo, publicado no Journal of Global Antimicrobial Resistance, descreveu a primeira análise do genoma total de uma coleção de *S. aureus* de colonização nasal, isolada num período de tempo longo, num país Africano. "Encontrámos uma elevada variabilidade genética entre amostras de *S. aureus*, com a deteção de 27 perfis alélicos (ou sequence types (ST)) onde se salientaram três grupos genéticos maioritários associados às linhagens clonais ST152, ST15 e ST5, responsáveis por infeções não só em África, mas em todo o mundo", explica Teresa Conceição.

A linhagem de MRSA predominante em Cabo Verde, ST5-VI, foi descrita pela primeira vez no início dos anos 90 pela equipa do ITQB NOVA, num estudo realizado num hospital pediátrico em Portugal. Esta linhagem foi detetada nos mesmos profissionais de saúde em 2013 e em 2014, demonstrando que estes podem atuar como reservatórios e constituir vias de transmissão de bactérias multirresistentes nos hospitais cabo-verdianos. A análise genómica revelou ainda eventos de aquisição e perda de genes importantes para o estabelecimento desta superbactéria em Cabo Verde.

Este estudo permitiu compreender a evolução global e adaptação da resistência aos antibióticos dos primeiros isolados de MRSA identificados em Cabo Verde. Embora a utilização de antimicrobianos ainda seja limitada no país, há um aumento progressivo e preocupante da resistência aos antibióticos, sendo urgente a implementação de medidas preventivas adicionais.

O estudo foi desenvolvido em colaboração com Marco R. Oggioni do Departamento de Genética e Biologia Genómica da Universidade de Leicester, no Reino Unido, e com investigadores e médicos de hospitais e da Universidade de Cabo Verde. O estudo foi apoiado pelo Global Challenges Research Fund Networking Grants, da Academia Britânica de Ciências Médicas e pela Fundação para a Ciência e Tecnologia, e realizado

no âmbito de projetos financiados pelos fundos FEDER através do COMPETE2020 - Programa Operacional Competitividade e Internacionalização (financiamento da Unidade de Investigação MOSTMICRO) e pelo projeto ONEIDA, cofinanciado pela FEEI - "Fundos Europeus Estruturais e de Investimento" pelo "Programa Operacional Regional Lisboa2020".

Imagens:

1. Investigadora Hermínia de Lencastre - disponível [aqui](#).
2. Mapa com a prevalência de MRSA nos PALOP e em Timor Leste - disponível [aqui](#).

Gabinete de Comunicação do ITQB NOVA

Renata Ramalho

renata.ramalho@itqb.unl.pt

965007727

Sobre o ITQB NOVA:

O Instituto de Tecnologia Química e Biológica António Xavier (ITQB NOVA) é uma unidade orgânica da Universidade Nova de Lisboa. A sua missão é a de fazer investigação científica e promover formação avançada em Ciências da Vida, Química e Tecnologias associadas, para benefício da saúde humana e do ambiente. Conta atualmente com 50 grupos de investigação e 500 investigadores, e está sedado em Oeiras. Para mais informações: www.itqb.unl.pt