



# Circuito Regional

Ciência, Tecnologia e Inovação para  
o Desenvolvimento Sustentável

## CARACTERIZAÇÃO GENOTÍPICA DE ISOLADOS DE *ESCHERICHIA COLI* PROVENIENTES DE GRANJAS DE SUÍNOS E CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DA RESISTÊNCIA FRENTE À COLISTINA

VIEIRA, Leonardo Oliva Justino<sup>1</sup>; MATZEMBACKER, Bruna<sup>2</sup>; NOGUEIRA, Joel Fonseca<sup>3</sup>; MARIN, Matheus Henrique Dal Bó<sup>1</sup>; BIEGER, Édina<sup>2</sup>; DEBORTOLI, Luiz Henrique<sup>2</sup>; COSTA, Mateus MatiuZZi da <sup>4</sup>; SILVEIRA, Simone<sup>5</sup>; GIRARDINI, Lilian Kolling<sup>5</sup>

1. Discente do Curso de Medicina Veterinária, Universidade do Oeste de Santa Catarina (UNOESC Xanxerê); 2. Mestrando (a) no Programa de Pós-Graduação em Sanidade e Produção Animal, Universidade do Oeste de Santa Catarina (UNOESC Xanxerê); 3. Doutorando no Programa de Pós-Graduação em Ciências Veterinárias no Semiárido, Fundação Universidade Federal do Vale do São Francisco (UNIVASF), Petrolina-PE; 4. Docente Fundação Universidade Federal do Vale do São Francisco (UNIVASF), Petrolina-PE; 5. Docente no curso de Medicina Veterinária e no Programa de Pós-Graduação em Sanidade e Produção Animal, Universidade do Oeste de Santa Catarina (UNOESC-Xanxerê)

Área: Ciências Agrárias

**Introdução:** A criação de suínos de forma intensiva predispõe os animais a enfermidades, principalmente ocasionadas pela bactéria *E. coli*, como a diarreia neonatal, diarreia pós desmame e a doença do edema. Buscando-se reduzir infecções bacterianas, antimicrobianos são adicionados à alimentação animal, porém esta adição de antibióticos pode deixar resíduos na carne, e isso está relacionado a transferência de genes de resistência a antibióticos de animais para humanos. Em virtude do potencial risco de infecções por cepas de *E. coli* multirresistentes a antimicrobianos em um contexto de saúde única, justifica-se realizar a caracterização genotípica e fenotípica da resistência a antimicrobianos, em especial à colistina, em isolados de *E. coli* oriundos de suínos. **Objetivo:** Avaliar o perfil fenotípico e genotípico de resistência de isolados de *Escherichia coli* oriundos de propriedades rurais com criação intensiva de suínos. **Método:** A pesquisa foi aprovada pelo CEUA. Foram coletadas 33 amostras (25 de suínos com diarreia, 3 de suínos sem diarreia e 5 ambientais) provenientes de granjas produtoras de suínos localizadas na região Oeste Catarinense. As amostras foram inoculadas em placas de Ágar Sangue e Ágar MacConkey, sendo estas incubadas em condições aeróbicas a 37°C por um período de 24 à 48h. Os isolados foram identificados através das características morfotintoriais e testes bioquímicos. Todos os isolados de *E. coli* foram submetidos ao teste de suscetibilidade antimicrobiana pela técnica de disco difusão em ágar, no qual foram testados diferentes antimicrobianos: Amoxicilina 3-hidratada, Amoxicilina + ácido clavulânico, Ampicilina, Ciprofloxacina, Cefalexina, Enrofloxacina, Espectinomicina, Florfenicol, Lincomicina, Marbofloxacina,



# Circuito Regional

Ciência, Tecnologia e Inovação para  
o Desenvolvimento Sustentável

Sulfametoxazol + trimetoprim, Tiamulina, Tilmicosina e Tetraciclina. Para a determinação da suscetibilidade à colistina realizou-se o teste de microdiluição em caldo para determinar a concentração inibitória mínima (CIM). Os isolados foram categorizados como sensíveis à colistina quando a CIM apresentou resultado  $\leq 2$   $\mu\text{g/mL}$  (20 UI). Dos 33 isolados de *E. coli* obtidos, oito (8) foram submetidos ao sequenciamento de genoma completo. **Resultados:** Todos os isolados apresentaram fenótipo de resistência aos beta lactâmicos, sendo observados índices elevados à amoxicilina (96,97%), cefalexina (96,97%), ampicilina (90,91%) e amoxicilina com ácido clavulânico (24,24%). Todos os isolados foram fenotipicamente resistentes à tetraciclina, tilosina e lincomicina. Dos isolados testados 21,21% apresentaram CIM para colistina  $>2$   $\mu\text{g/ml}$ , caracterizando-se como resistentes. Todos apresentaram um fenótipo de MDR, ou seja, foram resistentes a três ou mais classes de antimicrobianos. A partir dos oito isolados submetidos ao sequenciamento, os genes de ESBL ampC, ampC1, ampH, (Bla)AmpC1, (Bla)AmpC2, (Bla)ampH e (Bla)Penicillin foram detectados em (100%) dos isolados avaliados, blaTEM-105 (62,5%), blaTEM-135 (12,5%), tetA (75%), tetR (75%), (Tet)tetB (12,5%). Apenas um isolado apresentou o gene mcr-1, relacionado à resistência frente à colistina, e os demais genes mcr (2-10) não foram detectados. **Conclusão:** As elevadas taxas de resistência dos isolados, aos beta lactâmicos, acendem um alerta quanto ao risco da disseminação desses fenótipos bacterianos, evidenciando a importância da conscientização quanto ao uso prudente de antimicrobianos na saúde animal e a necessidade de monitoramento do perfil de resistência antimicrobiana e implementação de novas medidas de prevenção buscando-se reduzir o risco de disseminação de bactérias multiresistentes.

**Palavras-chave:** *Escherichia coli*; Sanidade animal; Saúde única;

**Contato:** Leonardo Oliva Justino Vieira, leonardooliva100ges@gmail.com.

**Agradecimentos:** O autor Leonardo Oliva Justino Vieira agradece ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela concessão de bolsa de iniciação científica (PIBIC).