

Medicina Veterinária

## **DIVERSIDADE E COMPARTILHAMENTO DE SOROTIPOS DE *Escherichia coli* EM MÚLTIPLOS HOSPEDEIROS EM MINAS GERAIS E SÃO PAULO, BRASIL**

Natacha da Silva Santos - 9º módulo de Medicina Veterinária, UFLA. Bolsista PIBIT/CNPq.  
Contato: natacha.santos@estudante.ufla.br

Jéssica Luana Felix Moreira - Pós-graduanda em Ciências Veterinárias, UFLA. Coorientadora.

Isabel Santos Narciso - 9º módulo de Medicina Veterinária, UFLA, bolsista PIVIC/UFLA.

Isabella Lellis Mio Navarro - 9º módulo de Medicina Veterinária, UFLA, bolsista PIBIC/UFLA.

Elaine Maria Seles Dorneles - Professora do Departamento de Medicina Veterinária, UFLA.

Carine Rodrigues Pereira - Professora do Departamento de Medicina Veterinária, UFLA. Contato: carinepereira@ufla.br - Orientadora. - Orientador(a)

### **Resumo**

No contexto de saúde global, a interconexão entre a saúde humana, animal e ambiental, estruturada pelo conceito de One Health, é uma preocupação central, especialmente diante do aumento de doenças infecciosas, zoonoses e resistência bacteriana. A bactéria gram-negativa *Escherichia coli* exemplifica essa complexidade ao atuar como comensal e patogênica em diversos hospedeiros, o que torna a tipagem molecular essencial para a compreensão de sua epidemiologia e dinâmica de transmissão. Com isso, o presente estudo teve como objetivo identificar os diferentes sorotipos de cepas de *E. coli*, por meio de análises bioinformáticas. O sequenciamento de genoma completo para analisar 53 isolados de *E. coli* provenientes de bovinos, búfalos, cães e humanos, coletados em diferentes localidades do estado de Minas Gerais e São Paulo, foi feito por meio da plataforma Illumina HiSeq 2500. A qualidade dos dados foi averiguada pelo programa FASTQC, montagem genômica via SPAdes, Unicycler e Edena, avaliação da montagem via QUAST e CheckM e ordenamento via Medusa. A identificação de sorotipos foi realizada com o software Ectyper. A análise revelou o compartilhamento de sorotipos entre humanos e cães, sendo as linhagens O1:H7 e O6:H1 (ambos com 13,3% em cães e 9,1% em humanos) e -:H9 (6,7% em cães e 9,1% em humanos). Este compartilhamento pode estar diretamente relacionado à proximidade e ao contato frequente entre humanos e animais de companhia, possibilitando a transmissão bacteriana. Outros sorotipos, como O75:H5, mostraram-se recorrentes em amostras de urina humana (54,5%), enquanto O83:H31 e O4:H5, cada um com 13,3% das amostras, foram os mais prevalentes em cães, indicando a existência de nichos epidemiológicos específicos para diferentes linhagens. Os achados demonstram a circulação de *E. coli* em diferentes espécies, com quadros clínicos distintos, como infecções do trato urinário, piometra, mastite e diarreia. Em conclusão, os dados fornecem evidências do compartilhamento de linhagens de *E. coli* entre espécies, o que reforça a necessidade da abordagem "One Health". A identificação de sorotipos comuns em humanos e cães serve como um alerta para a importância da vigilância integrada, direcionando o monitoramento e o controle de patógenos relevantes para a saúde pública, em sua dimensão humana e animal.

Palavras-Chave: One Health, Epidemiologia molecular, Genômica.

Instituição de Fomento: CAPES, CNPq, FAPEMIG e UFLA.

Link do pitch: [https://youtu.be/TQdKgy7i\\_Lg](https://youtu.be/TQdKgy7i_Lg)