

Medicina Veterinária

Perfil genômico da resistência antimicrobiana em Escherichia coli isoladas de amostras de urina de humanos e conteúdo uterino de cães

Vitória Fátima Souza de Oliveira - 8º módulo de Medicina Veterinária, UFLA, iniciação científica voluntária.

Jéssica Luana Felix Moreira - Coorientadora, mestranda do Departamento de Medicina Veterinária, UFLA.

Amanda Carvalho Rosado Ferreira - Doutoranda do Departamento de Medicina Veterinária, UFLA.

Dircéia Aparecida da Costa Custódio - Pós-doutoranda do Departamento de Medicina Veterinária, UFLA.

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

Carine Rodrigues Pereira - Professora do Departamento de Medicina Veterinária, UFLA. - Orientador(a)

Resumo

A resistência microbiana representa um desafio para a saúde pública, afetando animais e seres humanos. Destacando-se a Escherichia coli, bactéria comensal do trato gastrointestinal, mas também pode atuar como agente oportunista em diversas infecções. O objetivo deste estudo foi realizar uma análise genômica de cepas de E. coli isoladas de diferentes hospedeiros (cães e humanos) e amostras biológicas (urina e fluídos uterinos), com foco na caracterização dos seus mecanismos genéticos de resistência. Foram isoladas 26 cepas de E. coli, coletadas em Minas Gerais. As amostras foram previamente classificadas quanto à susceptibilidade a antimicrobianos por concentração inibitória mínima (CIM), posteriormente foram reativadas em ágar MacConkey e a extração de DNA realizada com auxílio de tiocianato de guanidina. O sequenciamento genômico completo por meio da plataforma Illumina HiSeq 2500. A qualidade avaliada pelo software FASTQC. A montagem foi pelos programas SPAdes, Unicycler e Edena, a avaliação de qualidade pelos softwares QUAST e pelo CheckM. Ordenação do genoma via Medusa e por fim foram depositados na plataforma NCBI. A identificação de genes de resistência foi conduzida com ABRicate (Megares). Setenta e quatro genes foram identificados, todos os isolados apresentavam genes que conferem multirresistência a antimicrobianos (msbA, hns, asmA), todos possuíam pelo menos um gene de resistência contra a classe de aminoglicosídeos (kdpE, aac3, ant3 ? DPRIME, aph3-DPRIME e aph6), betalactâmicos (ctx, tem, ampC, blaC, cmt, ampH, pbp2 e pbp4B), peptídios catiônicos (eptA, pmrF e ugd) e bacitracina (bacA). Genes de resistência a fluoroquinolonas (qnrB) foram encontrados em 2 (7%) cepas; macrolídeos (mphA, mphB) em 10 (38%); fenicóis (catA, floR) em 3 (11%); sulfonamidas (sull, sullI) em 2 (7%); tetraciclinas (tetA, tetB, tetD) em 12 (46%) e trimetoprim (dfrA) em 9 (34%) cepas. Em todas as amostras foram detectados diversos genes relacionados a bombas de efluxo do tipo RND (mdtA, mdtB, mdtC, rodA, baeR e baeS), capazes de conferir resistência cruzada, e a bombas de efluxo dos tipos ABC, MATE e MFS (yogI, mdtK, bcr, emrA, emrB, emrD, emrK, emrY, mdfA, mdtG e mdtH), sendo essas comuns em bactérias gram-negativas. Também foram identificadas bombas de efluxo da família SMR (Small Multidrug Resistance) (kpno, mdtI, mdtJ e mvrC). Diante disso, esses achados reforçam a importância da vigilância genômica e do uso racional de antimicrobianos na perspectiva One Health.

Palavras-Chave: bioinformática, genes, resistência microbiana.

Instituição de Fomento: CAPES, CNPq, FAPEMIG, UFLA

Link do pitch: https://youtu.be/MvALMCe_pLc?si=YRdZwRj4Igrnr3F1

Sessão: 6

Número pôster: 98

Identificador deste resumo: 5686-19-5584

novembro de 2025