

Medicina Veterinária

**Caracterização genômica dos mecanismos de resistência de Escherichia coli isolada de gado com mastite e bezerros de búfalos com diarreia.**

Kaylaine Ágata Cordeiro Cintra Santos - 4º módulo de Medicina Veterinária, UFLA, bolsista PIBIC/CNPq.

Jéssica Luana Felix Moreira - Pós-graduanda do Departamento de Medicina Veterinária, UFLA.

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

Dircéia Aparecida Da Costa Custódio - Pós-graduanda do Departamento de Medicina Veterinária, UFLA.

Maysa Serpa Gonçalves - Pós-graduanda do Departamento de Medicina Veterinária, UFLA.

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

**Resumo**

Escherichia coli é uma bactéria versátil que varia de comensal a patogênica, destaca-se por sua notável adaptabilidade, facilitada por elementos genéticos móveis que favorecem a aquisição de fatores de resistência antimicrobiana. Este estudo teve como objetivo caracterizar os mecanismos genéticos de resistência em cepas de E. coli isoladas de vacas com mastite e búfalos com diarreia e previamente caracterizadas quanto ao fenótipo de susceptibilidade a antimicrobianos. Vinte e quatro cepas isoladas em Minas Gerais e São Paulo foram avaliadas. Sendo reativadas em ágar MacConkey e o DNA foi extraído utilizando o Wizard® Genomic DNA Purification Kit. O sequenciamento do genoma completo foi realizado na plataforma Illumina HiSeq 2500, e os programas SPAdes, Unicycler e Edena foram utilizados para montagem, com a qualidade avaliada pelo QUAST e CheckM. Os genes de resistência foram identificados com o ABRicate (Megares). Sessenta e oito genes de resistência foram identificados, incluindo o gene cpxRA, duplicado em todas as cepas, estando associado à modulação da resposta a estresses ambientais e à regulação de genes de resistência, podendo contribuir para a persistência bacteriana em ambientes adversos. Todos os isolados apresentaram pelo menos um gene referente a classe dos aminoglicosídeos (kdpE, APH3\prime, aphH6\prime). Das treze cepas resistentes aos beta-lactâmicos, todas possuíam os genes (ctx, tem, ampC, blaEC). Para peptídeos catiônicos, sete cepas tinham os genes (eptA, pmrF, ugd). No entanto, para fluoroquinolonas, duas cepas eram resistentes, mas não apresentavam genes específicos. Para fenicóis, apenas duas apresentavam o gene (catA), mas seis eram resistentes. Para sulfonamidas, cinco cepas eram resistentes, e quatro apresentavam o gene (sul-II). Referente às tetraciclinas, sete tinham pelo menos um gene (tetA, tetB e tetD), mas dez eram resistentes. Em relação à resistência a múltiplas drogas, foi observada a presença de bombas de efluxo e seus reguladores nos genes (msbA, hns e asmA), que promovem a expulsão ativa de vários antibióticos e podem aumentar a sobrevivência bacteriana em ambientes com pressão seletiva. A ausência de correlação fenótipo-genótipo em alguns casos aponta para mecanismos alternativos ou regulação gênica. Concluindo, o estudo genômico das cepas de E. coli revelou uma ampla distribuição de genes de resistência antimicrobiana, o que reforça a importância dessas cepas como reservatórios potenciais para esse fenômeno.

Palavras-Chave: genoma, leite, patogenicidade.

Instituição de Fomento: FAPEMIG

Link do pitch: <https://youtu.be/f8NOBZLfAVw>

Sessão: 3

Número pôster: 153

Identificador deste resumo: 5939-19-5760

novembro de 2025