



## XI Encontro do Instituto Adolfo Lutz

Desafios do Laboratório de Saúde Pública: conhecer, monitorar e responder

04 a 07 de novembro de 2024

São Paulo/SP

e40656

• Genômica

# Estudo fenotípico e genômico de *Escherichia coli* produtora de CTX-M-55 em quati-de-cauda-anelada (*Nasua nasua*) no Parque Ecológico do Tietê em São Paulo

Gabriel Siqueira dos Santos<sup>1\*</sup> , Natália Carrillo Gaeta<sup>1</sup> , Bruno Simões Sergio Petri<sup>2</sup> , Haroldo Furuya<sup>2</sup>, Ricardo Augusto Dias<sup>1</sup> , José Soares Ferreira Neto<sup>1</sup> , Marcos Bryan Heinemann<sup>1</sup> 

<sup>1</sup> Departamento de Medicina Preventiva e Saúde Animal, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade de São Paulo, São Paulo, SP, Brasil.

<sup>2</sup> ARTEMIS Consultoria Ambiental, São Paulo, SP, Brasil.

\*Autor de correspondência: gabriel.siqueira.santos@alumni.usp.br

Coordenadora da Comissão Científica: Adriana Pardini Vicentini

Animais silvestres podem carrear bactérias multidroga resistentes (MDR) como resultado de contaminação e poluição em ambientes antropomorfizados. Entre as bactérias resistentes a antimicrobianos, estirpes de *Escherichia coli* produtoras de beta-lactamase de espectro estendido (do inglês *ESBL*), são consideradas de alto risco à saúde pública pela Organização Mundial da Saúde. Durante um estudo de vigilância de bactérias resistentes a antimicrobianos no Parque Ecológico do Tietê em São Paulo, suabes retais de quatis-de-cauda-anelada (*Nasua nasua*) foram coletados e, a partir deles, foram isoladas estirpes de *E. coli*. Os isolados bacterianos foram submetidos ao teste de disco-difusão para verificar o perfil de suscetibilidade a antimicrobianos. Dentre eles, a estirpe *E. coli* Q571 mostrou-se produtora de betalactamase de espectro estendido, além de resistente à amoxicilina+clavulanato, ceftazidima, cefotaxima, ceftriaxona, cefepime, aztreonam e ceftoxitina. O DNA total foi extraído e submetido a sequenciamento de genoma completo pela plataforma Illumina MiSeq (2 x 150 bp). Análises de bioinformática revelaram que Q571 pertence ao filogruppo D (*chuA* e *arpA*), ST69 e sorogruppo O17/O44/O77:H18. O estudo do resistoma revelou a presença dos genes *bla*<sub>CTX-M-55</sub> (penicilínicos, cefalosporinas e monobactâmicos), *dfrA1* (trimetoprim) *sul2* (sulfametoxazol), *aph(3')-Ia* e *aac(3)-IId* (aminoglicosídeos); enquanto a análise do viruloma apresentou replicons de genes *aslA*, *astA*, *cea*, *chuA*, *eilA*, *fimH*, *hlyE*, *hra*, *iha*, *iss*, *kpsE*, *kpsMIII\_K96*, *lpfA*, *mchF*, *nlpI*, *ompT*, *papAC*, *sitA*, *terC*, *tia* e *yehABCD*. Por fim, foram encontradas sequências compatíveis com plasmídeos ColpVC, IncFIA, IncQ1, IncFIB, respectivamente. A presença de *E. coli* MDR e produtora de *ESBL* reforça a necessidade de vigilância epidemiológica de bactérias resistentes a antimicrobianos em animais silvestres, e evidencia seu papel como possíveis disseminadores de eventuais patógenos de importância em Saúde Única e sentinelas de contaminação ambiental.

**Palavras-chave.** Enterobacteriaceae, Animais Selvagens, Resistência a Antibióticos.

**Comitê de Ética:** Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da Universidade de São Paulo/CEUAX N 7059220124.

**Órgão Financiador:** Fundação Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES PROEX 760/2020).