



## Conectando vidas Construindo conhecimento



**XXXIII SIC** SALÃO INICIAÇÃO CIENTÍFICA

<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2021: SIC - XXXIII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2021
<b>Local</b>	Virtual
<b>Título</b>	CARACTERIZAÇÃO DE GENES PLASMIDIAIS RELACIONADOS COM A RESISTÊNCIA ÀS QUINOLONAS EM ISOLADOS DE E. coli PROVENIENTES DE UM AMBIENTE DE SUINOCULTURA
<b>Autor</b>	CAMILA ZANFELICE MULLER
<b>Orientador</b>	ANDREZA FRANCISCO MARTINS

**TÍTULO:** CARACTERIZAÇÃO DE GENES PLASMIDIAIS RELACIONADOS COM A RESISTÊNCIA ÀS QUINOLONAS EM ISOLADOS DE *E. coli* PROVENIENTES DO AMBIENTE DE SUINOCULTURA

**AUTORA:** Camila Zanfelice Müller<sup>1</sup>

**ORIENTADORA:** Prof<sup>a</sup> Dr<sup>a</sup> Andreza Francisco Martins<sup>1</sup>

**INSTITUIÇÃO:**

<sup>1</sup> UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL, INSTITUTO DE CIÊNCIAS BÁSICAS DA SAÚDE, PORTO ALEGRE, RS (RUA SARMENTO LEITE, 500, 3º ANDAR, CEP 90035-190, PORTO ALEGRE – RS, BRAZIL).

**RESUMO:**

Quinolonas são antimicrobianos criticamente importantes para a Saúde Humana e Animal e são muito utilizados na pecuária. A ampla utilização destes antimicrobianos aumenta a pressão seletiva promovendo a emergência da resistência bacteriana tanto na microbiota dos animais, como na do ambiente. Dentro desse contexto, as taxas de resistência a quinolonas, mediada por genes plasmidiais (*qnrA*, *qnrB* e *qnrS*) aumentaram significativamente nos últimos anos e preocupam pela facilidade de disseminação horizontal destes genes podendo levar ao esgotamento deste arsenal terapêutico. O objetivo deste estudo foi determinar a ocorrência dos genes de resistência *qnrA*, *qnrB* e *qnrS* em isolados de *E. coli* considerados resistentes (R) ou intermediários (I) a enrofloxacino de acordo com os critérios do CLSI. Do total de 275 amostras coletadas (39 fazendas diferentes), houve crescimento de *E. coli* em 174 e todas foram I/R para o enrofloxacino. Os genes *qnrA* (627 bp), *qnrB* (469 bp) e *qnrS* (417 bp) foram pesquisados por PCR multiplex *in house* utilizando controles positivos previamente caracterizados. O gene *qnrB* foi identificado em 15 (8,6%) isolados e o gene *qnrS* em 35 (20,1%). O gene *qnrA* não foi identificado em nenhum isolado. Apesar da alta taxa de genes plasmidiais que conferem resistência às quinolonas ter sido identificada (28,7%), outros mecanismos tais como mutações no *gyrB* e expressão de bombas de efluxo, podem estar presentes nestes isolados e justificar o resultado observado no antibiograma. Assim, os resultados deste estudo demonstram que os genes plasmidiais *qnrB* e *qnrS* estão circulando em isolados ambientais de *E. coli*, provavelmente devido à pressão seletiva imposta pelo uso das quinolonas na pecuária. Deste modo, é necessário o controle e monitoramento mais efetivo do uso destes antimicrobianos para a preservação das quinolonas como uma importante opção terapêutica para o tratamento de doenças infecciosas.

**Palavras-chave:** Resistência, antimicrobianos, quinolonas, suinocultura, *E. coli*.