



<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2020: SIC - XXXII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2020
<b>Local</b>	Virtual
<b>Título</b>	CARACTERIZAÇÃO DE GENES PLASMIDIAIS RELACIONADOS COM A RESISTÊNCIA ÀS QUINOLONAS EM ISOLADOS DE E. coli PROVENIENTES DE SUÍNOS
<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 DE SUÍNOS

**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 amplamente utilizados nos sistemas de produção. A ampla utilização destes antimicrobianos está associada a pressão seletiva promovendo a emergência da resistência em microrganismos de fontes animais, que se disseminam através 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. Assim, o objetivo deste estudo foi determinar a ocorrência dos genes de resistência *qnrA*, *qnrB* e *qnrS* em isolados de *E. coli* oriundos de suabe retal de 260 suínos (46 lotes diferentes) coletados entre março e setembro de 2018. O perfil de susceptibilidade foi determinado pelo método de disco-difusão (CLSI) e 221 isolados resistentes (R) e 39 intermediários (I) a enrofloxacino foram selecionados para pesquisa dos genes *qnrA* (627 bp), *qnrB* (469 bp) e *qnrS* (417 bp) por multiplex PCR *in house* usando controles positivos previamente caracterizados. O gene *qnrB* foi identificado em 7% (18/260) dos isolados, o gene *qnrS* em 20% (52/260) e 1 isolado (0.3%) apresentou ambos os genes. O gene *qnrA* não foi identificado em nenhum isolado. Apesar da alta taxa de genes plasmidiais que conferem resistência às quinolonas ter sido identificada (27,3%), outros mecanismos tais como mutações no *gyrB* e expressão de bombas de efluxo, podem estar presentes nestes isolados. Assim, os resultados deste estudo apontam para uma necessidade de maior controle de uso de antimicrobianos no ciclo de produção de animais para minimizar a disseminação de genes de resistência e preservar as quinolonas como uma importante opção terapêutica para o tratamento de doenças infecciosas.

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