

Enterobacter *vonholyi* carreando um novo alelo do gene *mcr-10* proveniente de efluentes de abatedouro avícola

HOSANA DAU FERREIRA SOUZA^{1,2}, THEREZA CRISTINA COSTA VIANNA¹, JULIANA FERREIRA NUNES², VINICIUS CARNEIRO ASSUNÇÃO¹, ANA PAULA ALVES NASCIMENTO¹, RAMON LOUREIRO PIMENTA², ALEXANDER MACHADO CARDOSO³, MAYSIA MANDETTA CLEMENTINO¹, MILIANE MOREIRA SOARES SOUZA², IRENE SILVA COELHO², KAYO BIANCO¹, SHANA MATTOS OLIVEIRA COELHO²

¹. FUNDAÇÃO OSWALDO CRUZ, INSTITUTO NACIONAL DE CONTROLE DE QUALIDADE EM SAÚDE, RIO DE JANEIRO, BRASIL

². UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DO RIO DE JANEIRO, SEROPÉDICA, BRASIL

³. UNIVERSIDADE DO ESTADO DO RIO DE JANEIRO, RIO DE JANEIRO, BRASIL

As estações de tratamento de esgoto (ETEs) desempenham papel importante na persistência e propagação de genes de resistência a antimicrobianos (ARGs) no ambiente. Entre esses determinantes, destacam-se os genes móveis de resistência à colistina da família *mcr*, cuja circulação compromete a eficácia desse antimicrobiano de última linha terapêutica. Essa problemática é particularmente relevante em efluentes de abatedouros de aves, devido ao histórico uso da colistina na produção animal e à capacidade desses ambientes de atuarem como reservatórios e rotas de disseminação de bactérias resistentes. Até o momento, dez variantes (*mcr-1* a *mcr-10*) já foram descritas, evidenciando a diversidade de mecanismos relacionados à resistência à colistina e sua transmissão horizontal mediada por plasmídeos. Nesse contexto, membros da ordem *Enterobacterales* merecem destaque por incluírem importantes patógenos clínicos associados à multirresistência, inclusive à colistina. Dessa forma, este estudo investigou a resistência à colistina e a ocorrência de genes *mcr* em *Enterobacterales* de uma ETE de abatedouro de aves no Brasil. Foram coletadas amostras de esgoto bruto, do tanque de equalização e do efluente tratado. As cepas bacterianas foram obtidas por cultivo microbiológico em meios seletivos, identificadas por MALDI-TOF/MS e submetidas à determinação da concentração inibitória mínima (CIM) para colistina por microdiluição em caldo. A pesquisa dos genes *mcr* foi realizada por PCR convencional, seguida de sequenciamento genômico completo. Além disso, análises filogenéticas e de caracterização plasmidial foram conduzidas para investigar o contexto genético dos determinantes de resistência. Foram identificadas 27 cepas de *Enterobacter* spp., dos quais 70,4% apresentaram resistência à colistina (CIM: 2 a ≥ 512 mg/L). A triagem molecular detectou *mcr-1* em duas cepas e *mcr-10* em três, distribuídas em todas as etapas do tratamento, incluindo o efluente final. O sequenciamento genômico completo de um isolado representativo do efluente tratado, identificado como *Enterobacter vonholyi* ST3343, revelou a presença de *mcr-10* em um plasmídeo IncFII(Yp) de aproximadamente 107 kb, associado a outros determinantes de resistência. A análise filogenética confirmou a identificação de um novo alelo, denominado *mcr-10.6*. A persistência de uma linhagem clonal portadora de *mcr-10.6* ao longo do sistema de tratamento indica que processos convencionais de tratamento de águas residuais podem não remover eficientemente ARGs, clinicamente relevantes. Esses achados reforçam o papel dos efluentes tratados como potenciais vias de disseminação ambiental da resistência à colistina e evidenciam a necessidade de

estratégias aprimoradas de monitoramento e mitigação sob a perspectiva de Saúde Única.

Agradecimentos: