Caracterização do perfil de resistência a antimicrobianos de estirpes Escherichia coli isoladas de mamíferos silvestres

GABRIELLI SANTANA ABREU[1], GABRIEL SIQUEIRA DOS SANTOS[1], MARCOS BRYAN HEINEMANN[1], MELISSA PROSPERI PEIXOTO [2], VANESSA CALDEIRA OLIVARES[2], FELIPE ALMEIDA LUCATO[2], MARIANA MORGADO HENERY[2], GIOVANNA SILVA ALVES DE LIMA[2], MARCELLO SCHIAVO NARDI[2], SÉRGIO DE MELLO NOVITA TEIXEIRA[2]

[1.] UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO, LABORATÓRIO DE ZOONOSES BACTERIANAS , SÃO PAULO/SP, BRASIL
[2.] CENTRO DE MANEJO E REABILITAÇÃO DE ANIMAIS SILVESTRES, SÃO PAULO, SP

Introdução - As enterobactérias produtoras de β-lactamases de espectro estendido (ESBL) são patógenos de importância crítica para a Organização Mundial da Saúde, pois conferem resistência a cefalosporinas, antimicrobianos de amplo uso na medicina humana e veterinária. Sabe-se que animais silvestres, embora menos expostos diretamente a fármacos, podem ter, em sua microbiota, bactérias resistentes a antimicrobianos, inclusive produtoras de ESBL. O comportamento sinantrópico de animais silvestres pode resultar em transmissões de bactérias multirresistentes a humanos e animais domésticos. **Objetivo** - Avaliar o perfil de susceptibilidade a antimicrobianos e detectar genes codificadores de ESBL (*bla*CTX-M do grupo 1, *bla*CTX-M do grupo 2, *bla*CTX-M do grupo 8, *bla*CTX-M do grupo 9, *bla*TEM e *bla*SHV) de estirpes de *Escherichia coli* isoladas de suabes retais de mamíferos silvestres. **Metodologia** - Suabes retais de mamíferos silvestres foram estriados em duplicata Ágar MacConkey e Ágar MacConkey suplementado com ceftriaxona (2,5 µg/mL), ambos a 35 ± 2 °C overnight. A identificação bacteriana de *E. coli* foi realizada com a pesquisa do gene *uidA* por reação de polimerase em cadeia (PCR) e reação de eletroforese em gel de agarose. Isolados positivos para o gene *uidA*, foram submetidas à avaliação de susceptibilidade a antimicrobianos por teste de disco-difusão para amoxicilina + ácido clavulânico (AMC), ceftazidima (CAZ), cefotaxima (CTX), ceftriaxona (CRO), cefepime (CPM), cefoxitina (CFO), aztreonam (ATM), ertapenem (ERT), imipenem (IPM), meropenem (MPM), sulfametoxazol+trimetoprim (SUT), ácido nalidíxico (NAL), ciprofloxacina (CIP), gentamicina (GEN) e tetraciclina (TET). Foram pesquisados genes codificadores de ESBL (*bla*CTX-M do grupo 1, *bla*CTX-M do grupo 2, *bla*CTX-M do grupo 8, *bla*CTX-M do grupo 9, *bla*TEM e *bla*SHV) PCR e reação de eletroforese em gel de agarose das amostras que foram positivas para o gene *uidA* da *E. coli.* **Resultados** - A partir de suabes retais de 62 mamíferos silvestres, com predominância da espécie *Didelphis aurita* (gambá-de-orelha-preta) (64,5%; 40/62), foram isoladas 73/146 (50%) estirpes de *E. coli.* Houve uma alta prevalência do fenótipo de produção de ESBL entre as cepas de *E. coli,* detectado em 43,8% (32/73) dos isolados. A resistência a CTX (42,4% (31/73) e SUT (34,2%; 24/73), foram as mais frequentes seguida por TET (32,8%; 24/73), CRO (26,0%; 19/73), GEN (23,2%; 17/73), ATM (20,5%; 15/73) e AMC (20,5%; 15/73). A confirmação genotípica revelou que 61,6% (45/73) dessas cepas portavam ao menos um dos genes de resistência investigados. **Discussão** - Os resultados revelam a colonização de *Escherichia coli* multirresistente em mamíferos silvestres urbanos, evidenciada pela alta prevalência (85,7%) do fenótipo ESBL. A predominância da espécie *Didelphis aurita* reforça o papel de animais sinantrópicos como potenciais reservatórios e disseminadores de genes de resistência em áreas

de intensa atividade humana. A frequência dos genes blaCTX-M do grupo 1 (58,3%) e blaSHV (41,6%) converge com o perfil epidemiológico clínico e ambiental da América Latina, sugerindo o extravasamento desses mecanismos para a fauna silvestre. Portanto, a microbiota da vida selvagem em ambientes antropomorfizados reflete a situação epidemiológica local, tornando essencial o aprimoramento do conhecimento sobre a prevalência da resistência bacteriana nesses hospedeiros para auxiliar na conservação da fauna e na vigilância de patógenos de importância crítica.

Agradecimentos: GSA agradece a USP pela bolsa PUB e a FAPESP pela bolsa de pesquisa (Processo: 2025/11362-8). GSS agradece a FAPESP pela bolsa de doutorado (Processo: 24/17243-8). MBH agradece ao CNPQ pela bolsa produtividade.