



ISOLAMENTO, PERFIL DE RESISTÊNCIA E CARACTERIZAÇÃO DE GENES DE VIRULÊNCIA DE *E. COLI* ISOLADAS DE POTRO

Raffaella Menegheti Mainardi¹, Roberta Torres Chideroli, Leonardo Mantovani Favero, Ulisses de Pádua Pereira

¹Pós-graduanda em Ciência Animal da Universidade Estadual de Londrina, e-mail: upaduapereira@uel.br

A bactéria *E.coli* apresenta uma relação comensal com a maioria dos mamíferos e está presente no intestino nas primeiras horas de vida. A maior parte das *E.coli* são avirulentas, pois não possuem genes relacionados à patogenicidade, entretanto, sua diferenciação nas amostras de surtos de diarreia é de extremo valor para o diagnóstico em doenças clínicas e subclínicas. As amostras de *E.coli* diarreio gênicas (DEC) podem ser classificadas por meio do estudo de seus fatores de virulência, como a adesão da bactéria à célula intestinal, sua colonização e a liberação de toxinas. As DEC classificadas como Enterotoxigênicas (ETEC) apresentam toxinas responsáveis pela patogenicidade dessas bactérias e estão relacionadas à diarreia neonatal e a diarreia pós-desmame em potros. O conhecimento do perfil de sensibilidade a antimicrobianos dessas bactérias é de suma importância para a Saúde Pública em ações de prevenção na disseminação de cepas resistentes. A *E. coli* está entre as espécies bacterianas que mais comumente produzem betalactamases de amplo espectro (*Extended-Spectrum Betalactamase* - ESBL). Desta forma, quando as cepas de *E. coli* produzem ESBL sugere-se que elas são resistentes às classes de antimicrobianos das penicilinas, cefalosporinas e dos monobactâmicos e são classificadas como multirresistentes. O presente trabalho teve como objetivo avaliar a presença de DEC e identificar seu perfil de resistência a antimicrobianos e fatores de virulência em amostras de 5 potros da raça Árabe, provenientes do estado de São Paulo, que apresentavam diarreia. As amostras de fezes foram submetidas ao cultivo e isolamento bacteriano, e cerca de seis colônias sugestivas de *E. coli*, provenientes de cada amostra, foram identificadas segundo características morfológicas e bioquímicas. Adicionalmente, foram realizadas testes de susceptibilidade aos principais agentes antibacterianos pela metodologia de Kirby e Bauer e ao teste fenotípico de detecção de ESBL pelo método de aproximação de discos em ágar. Posteriormente, as colônias isoladas das amostras de fezes dos potros foram submetidas à extração de DNA seguido de *multiplex polymerase chain reaction* (mPCR), utilizando *primers* de 10 diferentes genes para detectar cepas de DEC. Das 38 colônias isoladas, 28 foram caracterizadas como *E. coli*. A ocorrência simultânea de resistência a três ou mais classes de antimicrobianos (multirresistência) foi observada em 17 (60,7%) isolados e três isolados (10,7%) foram positivos para ESBL. Além disso, o gene *astA* foi detectado em quatro (14,3%) linhagens do mesmo animal, enquanto os demais genes pesquisados foram negativos. Neste estudo, o isolamento das 28 linhagens pertencentes à espécie *Escherichia coli* e a presença do gene de virulência *astA* sugere que a diarreia dos potros foram causadas pela ETEC e que estão relacionadas à diarreia neonatal e pós-desmame em potros. Além disso, a ocorrência de multirresistência e a presença de linhagens produtoras de ESBL tornam-se um indicativo de resistência do patógeno e a necessidade do uso racional dos antimicrobianos na produção animal.

Palavras-chave: Diarreia. ESBL. Linhagens.

Fonte de Financiamento: CNPq