

TÍTULO: CHTYPER COMO UMA FERRAMENTA PARA CARACTERIZAÇÃO DE CEPAS DE *Escherichia coli* PROVENIENTES DA SUINOCULTURA

AUTORES: OLIVEIRA, G.S.¹; LENTZ, S.A.M.¹; WINK, P.L.²; MARTINS, A.F.^{1,2}.

INSTITUIÇÃO: 1. LABORATÓRIO DE MICROBIOLOGIA APLICADA DO INSTITUTO DE CIÊNCIAS BÁSICAS DA SAÚDE (ICBS), UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL (UFRGS), PORTO ALEGRE - RS (Avenida Sarmiento Leite, 500. Farroupilha. Porto Alegre - RS. CEP: 90.050-170.) - BRASIL; 2. LABORATÓRIO DE PESQUISA EM RESISTÊNCIA BACTERIANA (LABRESIS) DO CENTRO DE PESQUISA EXPERIMENTAL (CPE), HOSPITAL DE CLÍNICAS DE PORTO ALEGRE (HCPA), PORTO ALEGRE - RS (Rua Ramiro Barcelos, 2350. Santa Cecília. Porto Alegre - RS. CEP: 90.035-903.) - BRASIL.

RESUMO:

A resistência antimicrobiana tornou-se uma ameaça à saúde pública global devido às elevadas taxas de infecções causadas por microrganismos multirresistentes. O amplo uso de antimicrobianos na pecuária, como na suinocultura, é um dos fatores associados à disseminação da resistência. Assim, o objetivo deste estudo foi avaliar o perfil clonal de isolados de *E. coli* produtores de *mcr-1* na suinocultura através do CHTyper. Foram selecionados 53 isolados de *E. coli mcr-1* positivos (30 swabs retal de suínos; 23 swabs do ambiente) de 28 granjas localizadas no estado do Rio Grande do Sul. Foi realizada a reação em cadeia da polimerase (PCR) para os genes *fumC* e *fimH*. Os produtos da PCR foram purificados e sequenciados pelo método de Sanger através da plataforma AB 3500. As sequências foram avaliadas no Geneious Prime 2021.1.1 e submetidas na plataforma do CHTyper (<https://cge.cbs.dtu.dk/services/chtyper/>). Treze amostras foram selecionadas aleatoriamente para validação da técnica usando o sequenciamento do genoma completo (WGS), considerado padrão-ouro. A extração de DNA dessas amostras foi feita com o Wizard® Genomic DNA Purification Kit (Promega). O WGS foi realizado através da plataforma Illumina MiSeq V2 (2x 250, paired-end) e as bibliotecas genômicas foram construídas com o kit Nextera XT DNA (Illumina). A qualidade do sequenciamento foi verificada *in silico* por FastQC. Os dados brutos foram montados usando SPAdes v3.9.0 e os arquivos no formato *.fasta* gerados foram submetidos na plataforma do CHTyper. Os resultados do CHTyper e do WGS apresentaram 100% de concordância, sendo possível caracterizar 24 CHs diferentes, com 6 mais prevalentes. Em 4 granjas foi possível identificar o mesmo clone nos animais e no ambiente, ressaltando que há disseminação clonal de *E. coli mcr-1* na suinocultura. Em contrapartida, a alta diversidade clonal identificada revela que o gene *mcr-1* dissemina-se principalmente por elementos genéticos móveis. O gene *mcr-1* confere resistência às polimixinas, utilizadas como uma das últimas opções terapêuticas na medicina humana, portanto o monitoramento de sua disseminação é uma importante estratégia de controle principalmente na pecuária. Nossos resultados demonstram que o CHTyper apresenta um elevado poder discriminatório sendo uma excelente alternativa ao MLST, mais rápida e mais barata, para tipagem molecular de *E. coli*.

Palavras-chave: CHTyper; *Escherichia coli*; *mcr-1*; suinocultura

Agências de Fomento: Instituto Nacional de Pesquisas em Resistência a Antimicrobianos - INPRA (MCTI/CNPq/CAPES/FAPs nº 16/2014), CNPq