



## XXXV SALÃO de INICIAÇÃO CIENTÍFICA

6 a 10 de novembro

<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2023: SIC - XXXV SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2023
<b>Local</b>	Campus Centro - UFRGS
<b>Título</b>	Perfil de susceptibilidade de isolados de Escherichia coli de origem humana, animal e ambiental
<b>Autor</b>	VICTORIA RODRIGUES DE CARVALHO
<b>Orientador</b>	ANDREZA FRANCISCO MARTINS

Pertencente à família *Enterobacteriaceae*, a bactéria *Escherichia coli* pode causar infecções intestinais e extraintestinais em animais e humanos, além de ser encontrada no meio ambiente, sendo um biomarcador utilizado para estabelecer rotas de disseminação da resistência antimicrobiana. Os antimicrobianos, quando consumidos de maneira indiscriminada, favorecem uma pressão seletiva sobre a população bacteriana de diversos ambientes, resultando na emergência de cepas resistentes. O objetivo deste estudo foi avaliar o perfil de susceptibilidade de isolados de *Escherichia coli* de origem humana, animal e ambiental frente aos principais antimicrobianos utilizados na medicina humana. Foram utilizados 422 isolados de *E. coli*, sendo 191 isolados de origem humana, 94 isolados de origem animal e 137 de origem ambiental obtidos entre os anos de 2014 e 2022. O perfil de susceptibilidade foi determinado para 11 antibióticos através do método de disco-difusão, realizado e interpretado de acordo com as diretrizes do BRCast/EuCast. Do total, 27,4% (116/422) dos isolados foram resistentes a Amoxicilina + Ácido Clavulânico, 26,3% (111/422) a Tetraciclina, 23,6% (100/422) a Sulfametoxazol + Trimetoprim, 21% (89/422) a Cefotaxima, 19,6% (83/422) a Cefepima, 19,1% (81/422) a Piperacilina + Tazobactam, 18% (76/422) a Ciprofloxacino, 17,2% (73/422) a Ceftazidima, 11,3% (48/422) a Gentamicina, 7,5% (32/422) a Meropenem, e 5,4% (23/422) a Amicacina. Além disso, observou-se que 47% dos isolados de origem humana apresentaram resistência a três ou mais classes de antibióticos (considerados multirresistentes), enquanto taxas mais baixas foram observadas nos isolados de origem animal (12,7%) e ambiental (1,4%). Esses achados serão utilizados para pesquisa de genes de resistência e caracterização de elementos genéticos móveis, mas desde já evidenciam a importância do mapeamento de cepas resistentes a fim de reduzir o avanço da resistência antimicrobiana.