



1. Carolina Maria de Jesus
2. Bertha Lutz
3. Maria Conceição
4. Lélia Gonzales
5. Mayana Zatz
6. Sonia Guimarães

Nossas Cientistas:

*mulheres e ciência no Brasil,
ontem e hoje*

PESQUISA GENÉTICA DA PRODUÇÃO DE BETALACTAMASES DE AMPLO ESPECTRO EM *ESCHERICHIA COLI* ASSOCIADAS ÀS INFECÇÕES URINÁRIAS DE HUMANOS

IX Reunião Anual de Iniciação Científica da UFRRJ (RAIC 2021/2022) e III Reunião Anual de Iniciação em Desenvolvimento Tecnológico e Inovação (RAIDTec 2021/2022) - UFRRJ, 0^a edição, de 15/05/2023 a 19/05/2023
ISBN dos Anais: 978-65-5465-041-0

ARAÚJO; Carolina Conceição de ¹, SOUZA; Hosana Dau Ferreira de ², SOUZA; Miliane Moreira Soares de ³, COELHO; Shana de Matos de Oliveira ⁴

RESUMO

O patógeno Gram negativo, *Escherichia coli*, é responsável por cerca de 75% dos casos das comuns infecções do trato urinário (ITUs) de humanos. Para tratamento de tais infecções geralmente são utilizados medicamentos antimicrobianos, contudo, nas últimas décadas a utilização destes medicamentos nem sempre é eficaz no tratamento mencionado. Tal fato está relacionado ao recorrente uso indiscriminado de medicamentos antimicrobianos - nas medicinas humana e veterinária e nas práticas agropecuárias, que contribui para o desenvolvimento e disseminação de mecanismos de resistência à antimicrobianos pelos patógenos. Assim, um dos mecanismos de resistência mais importantes expressos por bactérias Gram negativas, como a *E. coli*, se dá pela produção de enzimas betalactamases, sendo uma delas a enzima CTX-M, uma enzima codificada em plasmídeos pelo gene de resistência *bla*_{CTX-M}, capaz de disseminar tal resistência horizontalmente. O presente estudo enfoca mecanismos de resistência através do gene *bla*_{CTX-M} de isolados de *E. coli* provenientes de amostras de urina humana em quadros de ITUs confirmados, visando analisar seu comportamento geral e caracterização genotípica, para levantamento de dados relevantes ao conceito de Saúde Única, devido a crescente dificuldade de tratamento de infecções decorrente da aparição de cepas bacterianas multirresistentes. As amostras de urina humana utilizadas foram obtidas no Laboratório de Análises Clínicas LabGelson localizado em Mendes - RJ, durante segundo semestre de 2019, contando com uroculturas positivas de pacientes acima de 18 anos, cuja anuência foi realizada através de assinatura de Termo de Consentimento Livre e Esclarecido, sob aprovação da Comissão de Ética na Pesquisa (COMEP) da UFRRJ número 006830. Os isolados de *E. coli* advindos das amostras de urina humana foram previamente identificados por métodos bioquímicos, e tiveram suas características coloniais confirmadas em Ágar Mac Conkey, posteriormente foram

¹ Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (UFRRJ), carolina.conc.ara@gmail.com

² Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (UFRRJ), dfs.hosana@gmail.com

³ Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (UFRRJ), milianemss@gmail.com

⁴ Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (UFRRJ), shana_mattos@hotmail.com

submetidos à técnica de Análise Proteômica por Tempo de Vôo de Ionização/Dessorção por Laser Assistida por Matriz (MALDI-TOF) em parceria com o Laboratório de Investigação em Microbiologia Médica (LIMM), Instituto de Microbiologia Paulo Góes da UFRJ para a identificação das espécies. Em seguida, as cepas de *E. coli* isoladas foram submetidas a testes de triagem por difusão em disco combinado e sinergismos em disco em Ágar Muller Hinton efetuado segundo metodologia recomendada pelo Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI, 2019; 2018) e BrCast (2018), utilizando antimicrobianos da classe dos betalactâmicos para gerar suspeita da produção de ESBL. Foi realizada a extração do DNA bacteriano dos re-isolados por meio de lise térmica, seguido da amplificação do *bla_{CTX-M}* por técnica de Polymerase Chain Reaction (PCR) e eletroforese em gel de agarose. Foram aferidas, no total, 86 re-isolados de *E. coli*, dos quais 10,46% (9/86) obtiveram resultado positivo para obtenção do gene *bla_{CTX-M}*. Os resultados obtidos são suficientes para respaldar a problemática do descontrole atual da disseminação de resistência bacteriana. A situação de disseminação de genes de resistência em patógenos comuns à saúde humana apresentada elucida a importância da vigilância em relação ao comportamento de patógenos resistentes, ajudando a compreendê-los e a estabelecer estratégias que evitem a disseminação de resistência para humanos, animais e ambientes, compreendendo o amplo conceito da Saúde Única.

PALAVRAS-CHAVE: Escherichia coli, antimicrobianos betalactâmicos, resistência bacterina, ITU

¹ Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (UFRRJ), carolina.conc.ara@gmail.com
² Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (UFRRJ), dfs.hosana@gmail.com
³ Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (UFRRJ), milianemss@gmail.com
⁴ Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (UFRRJ), shana_mattos@hotmail.com