

**ANÁLISE DE BIOINFORMÁTICA DE *Enterobacter cloacae* PRODUTOR DE
BETA-LACTAMASES ISOLADAS DE PAPAGAIO (*Amazona aestiva*)**
**Bioinformatic analysis of beta-lactamase-producing *Enterobacter cloacae* isolated from
parrot (*Amazona aestiva*)**

Beatriz Rodrigues Takeda ^{1*}, Fernanda Borges Barbosa¹, Gabriel Gandolf¹, Terezinha Knobl¹

¹Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia - Universidade de São Paulo, São Paulo, São Paulo.

*Email do autor correspondente: biatakeda@usp.br

Introdução: O uso de antimicrobianos vem contribuindo para a disseminação de genes de resistência, tanto no ambiente quanto em animais (1,2). Infecções por bactérias produtoras de betalactamases são consideradas de alto risco, pois comprometem a saúde e o bem-estar das aves, e representam um desafio terapêutico (3). *Enterobacter cloacae* pode ser responsável por uma variedade de infecções em aves, incluindo pneumonia e sepse, sendo de difícil tratamento em função das características oportunistas do agente e do perfil multirresistente (4). O objetivo deste estudo foi caracterizar uma estirpe multirresistente de *Enterobacter cloacae*, isolada de um papagaio, por meio de ferramentas de bioinformática. **Material e Métodos:** Durante a necropsia de um papagaio (*Amazona aestiva*) provindo de um Centro de Triagem de Animais Silvestres (CETAS), foram coletadas amostras de sangue e órgãos, posteriormente cultivadas em caldo BHI (Brain Heart Infusion Broth) com 30 µg de cefotaxima (CTX), a 37°C por 24 horas. As colônias de *Enterobacter cloacae*, isoladas de traqueia e de sangue, foram triadas pelo teste de disco difusão em ágar. A cepa denominada RG264, isolada de sangue, foi considerada multirresistente e apresentou resistência a todos os betalactâmicos testados, incluindo o clavulanato, sendo selecionada para o sequenciamento do genoma completo. A extração de DNA foi realizada com o kit Pure LINK (Promega) e o sequenciamento utilizou a plataforma MiSeq (Illumina, Inc., San Diego, CA). Os *contigs* foram curados através da ferramenta *Galaxy Europe*, permitindo a análise dos genes codificadores de resistência e MLST. **Resultados:** A leitura dos *contigs* teve uma cobertura de 30,6x, satisfatória para a detecção de genes de resistência. A cepa RG264 foi identificada como *Enterobacter cloacae* ST527, portadora dos genes de resistência *oqxB*; *oqxA*, *bla_{ACT-16}*, *bla_{TEM-1B}*; *drfA26*; *sul2*; *tet(D)*; *fosA*. **Discussão:** o perfil genotípico encontrado caracteriza o isolado como multirresistente, capaz de resistir à tetraciclina, cloranfenicol, sulfa+trimetoprim, quinolonas e fosfomicina. Em relação aos betalactâmicos, foi encontrada uma betalactamase de espectro restrito (*bla_{TEM-1B}*), associada a uma AmpC plasmidial (*bla_{ACT-16}*). Nesse caso o fenótipo de resistência esperado inclui a resistência às penicilinas, cefalosporinas de 1^o, 2^o e 3^o geração, cefamicinas, e não prevê a inibição pelo clavulanato. **Conclusão:** O fenótipo da cepa encontrada em *A. aestiva* expressa fortemente a resistência a antimicrobianos e revela como opções terapêuticas os carbapenêmicos, aminoglicosídeos e as polimixinas. No entanto, esses antimicrobianos têm sido reservados para tratamento de humanos com infecções hospitalares. A presença do gene *bla_{ACT-16}* classifica a cepa RG264 como patógeno crítico de prioridade 1 (5). Este dado aponta o risco de saúde animal e de saúde pública, destacando a importância da bioinformática na vigilância sanitária no contexto de uma só saúde.

Referências: 1) Sartori L, et al. Multidrug-resistant CTX-M-15-positive *Klebsiella pneumoniae* ST307 causing urinary tract infection in a dog in Brazil. **J Glob Antimicrob Resist.** 2019 Dec;19:96–7. doi: 10.1016/j.jgar.2019.09.003. PMID: 31520809. 2) Weese JS, et al. International Society for Companion Animal Infectious Diseases (ISCAID) guidelines for the diagnosis and management of bacterial urinary tract infections in dogs and cats. **Vet J.** 2019 May;247:8–25. doi:

10.1016/j.tvjl.2019.02.008. PMID: 30971357. **3)** Talbot GH, et al. Bad bugs need drugs: an update on the development pipeline from the Antimicrobial Availability Task Force of the Infectious Diseases Society of America. **Clin Infect Dis**. 2006 Mar 1;42(5):657–68. doi: 10.1086/499819. PMID: 16447111. **4)** Brazilian Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing (BrCAST). Fenótipos esperados resistentes. Version 1.2, based on EUCAST January 2023, valid from 27 June 2024 [Internet]. Available from: <https://brcast.org.br/wp-content/uploads/2022/09/Fenotipo-esperado-resistente-27-06-2024.pdf>. **5)** World Health Organization (WHO). Bacterial Priority Pathogens List 2024: Prioritization to guide research, development, and public health response to antimicrobial resistance [Internet]. Geneva: WHO; 2024. Available from: <https://www.paho.org/pt/node/96293>

Palavras-chave: Resistência bacteriana, Sequenciamento genético, Psitacídeos

Keywords: Bacterial resistance, Whole Genome Sequence, Psittacines

Agências Financiadoras: CNPq - PIBIC