

UNIVERSIDADE FEDERAL DE VIÇOSA

***Salmonella* sp., *Escherichia coli* comensal e diarreiogênicas: ocorrência em suínos durante o abate e caracterização de seus perfis de resistência a antibióticos**

Paulo Henrique Tavares Pereira
Magister Scientiae

**VIÇOSA - MINAS GERAIS
2025**

PAULO HENRIQUE TAVARES PEREIRA

***Salmonella* sp., *Escherichia coli* comensal e diarreiogênicas: ocorrência em suínos durante o abate e caracterização de seus perfis de resistência a antibióticos**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Medicina Veterinária, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

Orientador: Luis Augusto Nero

Coorientador: Ricardo Seiti Yamatogi

**VIÇOSA - MINAS GERAIS
2025**

**Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central da Universidade
Federal de Viçosa - Campus Viçosa**

T

P436s
2025

Pereira, Paulo Henrique Tavares, 1998-
Salmonella sp., *Escherichia coli* comensal e
diarreio gênicas: ocorrência em suínos durante o abate e
caracterização de seus perfis de resistência a antibióticos / Paulo
Henrique Tavares Pereira. – Viçosa, MG, 2025.
1 dissertação eletrônica (75 f.): il. (algumas color.).

Orientador: Luis Augusto Nero.
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa,
Departamento de Veterinária, 2025.
Referências bibliográficas: f. 53-75.
DOI: <https://doi.org/10.47328/ufvbbt.2025.763>
Modo de acesso: World Wide Web.

1. Salmonella. 2. Escherichia coli enteropatogênica.
3. Linfonodos. 4. Fezes - Análise. 5. Drogas - Resistência em
micro-organismos. 6. Carne de porco - Contaminação. I. Nero,
Luis Augusto, 1975-. II. Universidade Federal de Viçosa.
Departamento de Veterinária. Programa de Pós-Graduação em
Medicina Veterinária. III. Título.

CDD 22. ed. 579.344

PAULO HENRIQUE TAVARES PEREIRA

***Salmonella sp., Escherichia coli* comensal e diarreiogênicas: ocorrência em suínos durante o abate e caracterização de seus perfis de resistência a antibióticos**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Medicina Veterinária, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

APROVADA: 21 de agosto de 2025.

Assentimento:

Paulo Henrique Tavares Pereira
Autor

Luis Augusto Nero
Orientador

Essa dissertação foi assinada digitalmente pelo autor em 15/11/2025 às 17:35:51 e pelo orientador em 16/11/2025 às 19:45:40. As assinaturas têm validade legal, conforme o disposto na Medida Provisória 2.200-2/2001 e na Resolução nº 37/2012 do CONARQ. Para conferir a autenticidade, acesse <https://siadoc.ufv.br/validar-documento>. No campo 'Código de registro', informe o código **K46P.5Z7C.UGIO** e clique no botão 'Validar documento'.

AGRADECIMENTOS

Agradeço inicialmente aos meus familiares que me motivaram a chegar até aqui, com incondicional apoio e ensinamentos necessários para meu desenvolvimento pessoal, acadêmico e profissional.

Em seguida, agradeço a todos os meus amigos e colegas de laboratório pelo companheirismo ao longo dos intensos períodos de análises laboratoriais e avaliação dos resultados.

Por fim, agradeço aos meus orientadores pela experiência e conhecimentos transmitidos no decorrer deste projeto, com aprendizados que levarei para vida toda, as instituições FAPEMIG, CNPq e CAPES pelo apoio necessário para viabilizar este trabalho e aos laboratórios BIOMOLVET (BIOAGRO) e InsPOA (DVT) pela excelente infraestrutura disponibilizada.

Este trabalho foi realizado com o apoio das seguintes agências de pesquisa brasileiras: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001, Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG) e Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

RESUMO

PEREIRA, Paulo Henrique Tavares, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, agosto de 2025. ***Salmonella* sp., *Escherichia coli* comensal e diarreio gênicas: ocorrência em suínos durante o abate e caracterização de seus perfis de resistência a antibióticos.** Orientador: Luis Augusto Nero. Coorientador: Ricardo Seiti Yamatogi.

O consumo de alimentos contaminados por bactérias patogênicas pode representar um grande risco a saúde. *Salmonella* sp. e *Escherichia coli* são microrganismos frequentemente relacionadas a casos de infecções causadas pelo consumo de alimentos contaminados em todo o mundo e os alimentos de origem animal estão entre os principais carreadores destes microrganismos. Na produção de suínos, os animais são considerados importantes reservatórios destas bactérias e com isso pode ocorrer a contaminação dos produtos suínos ao longo do abate e manipulação industrial. Além disso, *Salmonella* sp. e *E. coli* podem agir como fonte de resistência antimicrobiana ao disseminar genes de resistência para outros microrganismos. Neste contexto, o presente trabalho tem como objetivo avaliar a ocorrência de *Salmonella* sp., *E. coli* e *E. coli* diarreio gênicas e caracterizar os seus perfis de resistência aos antimicrobianos em isolados obtidos de amostras de linfonodos mesentéricos e de fezes coletadas de suínos durante o abate. Em nosso estudo, *S. enterica* foi identificado em 16/100 (16,0%) das amostras de linfonodos e em 4/95 (4,2%) das amostras de fezes. O sorovar mais prevalente foi *S. Panama*, seguido por *S. Typhimurium* variante monofásica (4,[5],12:i:-) e *S. Minnessota*. Em relação a *E. coli* diarreio gênicas, 3/95 (3,2%) amostras de fezes apresentaram resultados positivos, restritos a EPEC. A análise de resistência antimicrobiana em isolados de *S. enterica* (n = 96) indicou maior resistência a amoxicilina e ampicilina com 91/96 (94,8%) isolados resistentes a ambos, seguido por tetraciclina com 89/96 (92,7%), cloranfenicol com 90/96 (93,8%) e estreptomicina com 54/96 (56,3%). Nos isolados de *E. coli* avaliados (n = 182), as maiores frequências de resistência foram para a amoxicilina com 167/182 (91,8%) isolados resistentes, seguido por ampicilina com 162/182 (89,0%), cloranfenicol com 144/182 (79,1%), tetraciclina com 136/182 (74,7%), ciprofloxacina com 132/182 (72,5%) e estreptomicina com 131/182 (72,0%). Além desses, para enrofloxacina, sulfametoxazol + trimetoprima e norfloxacina, os isolados também apresentaram altas frequências, com 131/182 (72,0%), 107/182 (58,8%) e 82/182 (45,1%), respectivamente. Em *S. enterica* 88/96 (91,7%) foram considerados multirresistentes (MDR) aos antibióticos testados. Nos isolados de *E. coli* avaliados, 173/182 (95,0%) foram considerados MDR, incluindo os três

isolados EPEC. Em *E. coli*, 8/182 (4,4%) isolados apresentaram resultados positivos para ESBL, dos quais apenas um isolado não foi caracterizado como MDR. O alto padrão de resistência identificado pode representar um risco à saúde humana, com potencial associação à produtos cárneos de origem suína. Além disso, a identificação de *E. coli* produtores de ESBL representam um risco elevado por serem resistentes à medicamentos utilizados em infecções por bactérias MDR.

Palavras-chave: linfonodos; fezes; MDR; EPEC; ESBL

ABSTRACT

PEREIRA, Paulo Henrique Tavares, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, August, 2025. ***Salmonella* sp., commensal and diarrheagenic *Escherichia coli*: occurrence in pigs at slaughter and characterization of their antibiotic resistance profiles.** Adviser: Luis Augusto Nero. Co-adviser: Ricardo Seiti Yamatogi.

The consumption of food contaminated with pathogenic bacteria may pose a significant health risk. *Salmonella* sp. and *Escherichia coli* are microorganisms frequently associated with foodborne infections worldwide, and foods of animal origin are among the main carriers of these microorganisms. In swine production, pigs are considered important reservoirs of these bacteria, which can lead to contamination of pork products during slaughter and industrial processing. Furthermore, *Salmonella* sp. and *E. coli* can act as sources of antimicrobial resistance by disseminating resistance genes to other microorganisms. In this context, the present study aimed to assess the occurrence of *Salmonella* sp., *E. coli*, and diarrheagenic *E. coli* and to characterize their antimicrobial resistance profiles in isolates obtained from mesenteric lymph nodes and fecal samples collected from pigs during slaughter. In our study, *S. enterica* was detected in 16/100 (16.0%) of lymph node samples and in 4/95 (4.2%) of fecal samples. The most prevalent *S. enterica* serotype was *S. Panama*, followed by *S. Typhimurium* monophasic variant (4,[5],12:i:-) and *S. Minnesota*. Regarding diarrheagenic *E. coli*, only 3/95 (3.2%) fecal samples tested positive, all identified as EPEC. Antimicrobial resistance analysis of *S. enterica* isolates (n = 96) showed the highest resistance rates to amoxicillin and ampicillin, with 91/96 (94.8%) isolates resistant to both, followed by tetracycline (89/96; 92.7%), chloramphenicol (90/96; 93.8%), and streptomycin (54/96; 56.3%). Among the *E. coli* isolates evaluated (n = 182), the highest resistance rates were observed for amoxicillin (167/182; 91.8%), followed by ampicillin (162/182; 89.0%), chloramphenicol (144/182; 79.1%), tetracycline (136/182; 74.7%), ciprofloxacin (132/182; 72.5%), and streptomycin (131/182; 72.0%). Additionally, high resistance frequencies were also observed for enrofloxacin (131/182; 72.0%), sulfamethoxazole + trimethoprim (107/182; 58.8%), and norfloxacin (82/182; 45.1%). Among the *S. enterica* isolates, 88/96 (91.7%) were classified as multidrug-resistant (MDR). Of the *E. coli* isolates evaluated, 173/182 (95.0%) were considered MDR, including all three EPEC isolates. In *E. coli*, 8/182 (4.4%) isolates tested positive for ESBL production; of these, only one was not classified as MDR. The high level of resistance identified may pose a potential risk to human health, due to the association to pork products. In addition, the

identification of ESBL-producing *E. coli* represents a heightened risk, as they are resistant to drugs used in infections caused by MDR bacteria.

Keywords: lymph nodes; feces; MDR; EPEC; ESBL

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Frequências de resistência completa dos isolados de <i>S. enterica</i> e <i>E. coli</i> para os 18 antibióticos testados.	44
Figura 2. Frequências de resistência intermediária dos isolados de <i>S. enterica</i> e <i>E. coli</i> para os 18 antibióticos testados.	45
Figura 3. Sobreposição dos perfis de resistência completa e intermediária de <i>Salmonella</i> sp. e <i>E. coli</i> aos 18 antibióticos testados.	46

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Classe, mecanismos de ação e grupo de antibióticos utilizados na produção animal.	18
Tabela 2. Genes de virulência, primers, sequências e amplicons dos patótipos de <i>E. coli</i> e de <i>Salmonella</i> sp.	27
Tabela 3. Sigla e concentração dos antibióticos selecionados para avaliação de resistência antimicrobiana em isolados de <i>Salmonella</i> sp. e <i>E. coli</i>	28
Tabela 4. Lote, n° de amostras, resultados das análises estatísticas e quantidade de isolados de <i>S. enterica</i> obtidos de amostras de fezes e de linfonodos mesentéricos coletados em frigorífico de suínos.	31
Tabela 5. Frequência dos sorovares de <i>S. enterica</i> obtidos de amostras de linfonodos mesentéricos e fezes coletadas em frigorífico de suínos.	34
Tabela 6. Quantidade de isolados de <i>E. coli</i> obtidos de amostras de fezes coletadas em frigorífico de suínos e número de isolados selecionados para avaliação de resistência antimicrobiana.	37
Tabela 7. Frequências de resistência aos 18 antibióticos testados nos 96 isolados de <i>S. enterica</i> provenientes de amostras de linfonodos mesentéricos e fezes coletadas em frigorífico de suínos.	40
Tabela 8. Frequências de resistência aos 18 antibióticos testados no subgrupo de 182 isolados de <i>E. coli</i> provenientes de amostras de fezes coletadas em frigorífico de suínos.	42
Tabela 9. Resultados de resistência antimicrobiana em 3 isolados de EPEC obtidos em amostras de fezes em um frigorífico de suínos.	47
Tabela 10. Resultados de resistência antimicrobiana em 8 isolados de <i>E. coli</i> produtor de ESBL obtidos em amostras de fezes coletas em frigorífico de suínos.	48
Tabela 11. 10 principais perfis de resistência em <i>S. enterica</i> e isolados susceptíveis a todos os antibióticos.	50
Tabela 12. 10 principais perfis de resistência em <i>E. coli</i> e isolados susceptíveis a todos os antibióticos.	51

SUMÁRIO

AGRADECIMENTOS	3
RESUMO	4
ABSTRACT	6
LISTA DE FIGURAS	8
LISTA DE TABELAS	9
SUMÁRIO	10
1 INTRODUÇÃO	11
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	13
2.1 CADEIA DE PRODUÇÃO DE SUÍNOS	13
2.2 <i>SALMONELLA</i> SP.	14
2.3 <i>ESCHERICHIA COLI</i> E DEC	15
2.4 RESISTÊNCIA AOS ANTIMICROBIANOS	16
3 OBJETIVOS	21
3.1 OBJETIVO GERAL	21
3.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS	21
4 MATERIAL E MÉTODOS	22
4.1 AMOSTRAGEM	22
4.2 PESQUISA DE <i>SALMONELLA</i> SP.	22
4.3 PESQUISA DE <i>E. COLI</i> E DEC	24
4.4 PERFIS DE RESISTÊNCIA AOS ANTIMICROBIANOS	28
4.5 ANÁLISES ESTATÍSTICAS	30
5 RESULTADOS E DISCUSSÃO	31
5.1 OCORRÊNCIA DE <i>SALMONELLA</i> SP.	31
5.2 OCORRÊNCIA DE <i>E. COLI</i> COMENSAL E DEC	35
5.3 RESISTÊNCIA ANTIMICROBIANA E ESBL	37
6 CONCLUSÕES	52
7 REFERÊNCIAS	53

1 INTRODUÇÃO

A produção e distribuição de alimentos seguros para consumo é uma questão multisetorial e de fundamental importância para a manutenção e desenvolvimento da população mundial (Garcia et al., 2020). As infecções causadas pelo consumo de alimentos contaminados manifestam-se frequentemente como doenças intestinais leves a graves, que em grande parte podem ser evitadas (Buzby & Roberts, 2009). A Organização Mundial da Saúde (2024) estima que cerca de 600 milhões de pessoas adoeçam anualmente em decorrência do consumo de alimentos contaminados, resultando em aproximadamente 420 mil mortes.

Os alimentos de origem animal podem atuar como importantes reservatórios de microrganismos patogênicos e são frequentemente associados a doenças de origem alimentar (Damianos et al., 2025). Entre eles, as bactérias do gênero *Salmonella* sp., são reconhecidas como uma das principais bactérias vinculadas a doenças de origem alimentar na Europa (EFSA/ECDC, 2023). A espécie *E. coli*, embora seja um microrganismo comensal na microbiota de animais e humanos, também se destaca por ser amplamente utilizado como indicador da presença de resistência antimicrobiana e por ser capaz de causar infecções (Anjum et al., 2021). A carne suína, uma das principais fontes de proteína animal consumidas mundialmente, tem destaque nesse contexto, por estar comumente associada a contaminações por bactérias provenientes dos animais (Paz-González et al., 2023)

Salmonella sp. e DEC são potencialmente patogênicas e estão presentes nos sistemas de produção de suínos, sendo os animais contaminados frequentemente caracterizados como portadores e fontes de contaminação para os alimentos ao longo do processo de abate e beneficiamento industrial (Haque et al., 2022; Monte et al., 2019). Para evitar a introdução e disseminação de patógenos, como *Salmonella*, as medidas de biossegurança são implementadas pelas granjas, e conseqüentemente podem reduzir a contaminação das carcaças ao longo das etapas de abate. Além disso, o controle de patógenos pode favorecer a produtividade e o menor uso de antimicrobianos (Alarcón et al., 2021; Andres & Davies, 2015).

O uso contínuo de antibióticos em animais de produção pode acelerar o processo natural de resistência das bactérias devido a seleção na microbiota por bactérias resistentes e maior exposição a genes de resistência (Woolhouse et al., 2015). A transmissão de bactérias resistentes a antibióticos através de alimentos contaminados agrava o risco a saúde pública associado a patógenos em alimentos, pois estas bactérias podem causar doença em humanos e transmitir genes de resistência antimicrobiana para outras bactérias comensais ou potencialmente patogênicas da microbiota humana (Lencina et al., 2024).

Considerando a importância econômica da suinocultura no Brasil, o cenário favorável a exportação de carne suína e o aumento do consumo interno pelos brasileiros nos últimos anos, é importante minimizar os riscos associados à presença desses patógenos nessa cadeia produtiva. Portanto, é essencial a realização de estudos que investiguem a ocorrência e frequência de resistência antimicrobiana em *Salmonella* sp. e DEC no ambiente de processamento de alimentos de origem animal.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 Cadeia de produção de suínos

O Brasil posicionou-se como o quarto maior produtor e exportador de carne suína no mundo em 2024, com uma produção de 5,305 milhões de toneladas e exportação de 1,353 milhão de toneladas (ABPA, 2025). De acordo com dados publicados pela Associação Brasileira de Criadores de Suínos - ABCS (ABCS, 2024), o Brasil expandiu a produção em 54,4% e as exportações em 130,3% entre 2015 e 2023. A expansão contínua das exportações reflete a competitividade da suinocultura brasileira, com índices zootécnicos satisfatórios e status sanitário favorável (Barcellos & Guedes, 2022).

As granjas de criação de suínos no Brasil são predominantemente formadas por estruturas fechadas e climatizadas ou parcialmente fechadas, com controle da alimentação, ambiência e manejos dos animais (ABCS, 2024). Neste sistema intensivo de criação, as medidas de biossegurança, higiene e desinfecção são adotadas para eliminar bactérias patogênicas que representam risco para produção e para a segurança dos alimentos de carne suína destinados ao consumo. A inadequada limpeza das baias entre troca de lotes e mistura de animais de diferentes origens ou idades nas etapas finais da produção são importantes fatores de risco associados a maior frequência destas bactérias patogênicas em suínos destinados ao abate (Fosse et al., 2009).

O abate e processamento industrial de suínos exige diversas etapas de inspeção dos produtos de origem animal para garantir alimentos seguros para consumo. As normas e procedimentos que os frigoríficos devem seguir são determinados no Regulamento de Inspeção Industrial e Sanitária de Produtos de Origem Animal – RIISPOA (MAPA, 2020). Especificamente sobre o controle microbiológico, a Instrução Normativa n° 60 determina a obrigatoriedade de testes para Enterobacteriaceae e *Salmonella* spp. em carcaças suínas (MAPA, 2018).

Os suínos portadores de patógenos, como *Salmonella* sp., são frequentemente assintomáticos e com isso podem não ser identificados nas etapas de inspeção por não apresentarem doença clínica ou lesões macroscópicas (de Freitas Costa et al., 2020; Pointon et al., 2000). A ausência de alterações visuais em tecidos contaminados, especialmente os linfonodos, faz com que as incisões realizadas para inspeção se tornem fontes de contaminação cruzada quando há falhas de higiene e desinfecção dos equipamentos. Por esta razão a inspeção baseada em análise de risco tem sido implementada e tem como obrigatoriedade a adequação dos frigoríficos sob inspeção federal até 2028, essas medidas visam reduzir a possibilidade de contaminação cruzada através de incisões e palpações, principalmente por Enterobacteriaceae e aeróbicos mesófilos (Cavalheiro et al., 2022; Haber Garcia et al., 2025).

2.2 *Salmonella* sp.

Salmonella é um gênero bacteriano anaeróbico facultativo, formado por bastonetes Gram-negativos e não formadores de esporos. Este gênero pertencente à família Enterobacteriaceae e inclui duas espécies principais: *Salmonella enterica* e *Salmonella bongori*. A espécie *S. enterica* possui mais de 2.600 sorovares descritos; os sorovares Typhimurium e Enteritidis são conhecidos por sua ampla distribuição mundial e associação frequente a surtos e casos de doenças de origem alimentar (Ferrari et al., 2019; Issenhuth-Jeanjean et al., 2014; Popoff et al., 2004).

Salmonella sp. é classificado como um dos microrganismos de alto risco a consumidores de alimentos, podendo causar desde gastroenterites leves até formas graves de septicemia e febre tifóide (Coburn et al., 2007; de Freitas Costa et al., 2020). Em suínos, *Salmonella* sp. está frequentemente associado a quadros de gastroenterites e septicemias, principalmente pelos sorovares Choleraesuis e Typhimurium (Barcellos & Guedes, 2022).

A disseminação de *Salmonella* sp. nas granjas de suínos ocorre predominantemente por transmissão horizontal, em que os animais portadores

excretam a bactéria por meio de secreções e se tornam fontes de infecção para suínos e pessoas relacionadas a produção (Hotes et al., 2012). Ao contaminar os suínos, *Salmonella* sp. coloniza o trato gastrointestinal e linfonodos mesentéricos e os animais se tornam reservatórios da bactéria (Kich et al., 2015). O risco de animais portadores retornarem a excretar *Salmonella* sp. é sempre presente, mas aumenta quando os animais são expostos ao estresse, como o transporte para outras unidades de produção, onde a mistura de animais saudáveis e infectados de diferentes origens favorece ainda mais a disseminação da bactéria, ou transporte ao frigorífico, em que a eliminação de *Salmonella* sp. em baias de espera pode contaminar lotes seguintes e intensificar a disseminação nesta fase final da produção e conseqüentemente aumentar a possibilidade de contaminação superficial das carcaças suínas ao longo do processamento industrial. (Monte et al., 2019).

O controle de *Salmonella* sp. nas granjas pode ter impacto direto na frequência da bactéria em animais destinados ao abate, com remoção frequente das fezes nas baias, acidificação da ração ou da água, controle de roedores e efetiva limpeza e desinfecção das instalações em cada troca de lote para mitigar a disseminação de *Salmonella* (Hotes et al., 2012).

2.3 *Escherichia coli* e DEC

Escherichia coli é uma espécie bacteriana anaeróbica facultativa em forma de bacilos, amplamente distribuída e integrante da microbiota intestinal de humanos e animais (Gomes et al., 2016). A maioria das cepas desta espécie são consideradas comensais, porém algumas possuem fatores de virulência, como presença de fímbrias e capacidade de produção de toxinas que as tornam patogênicas e com isso capazes de ocasionar quadros clínicos entéricos e septicêmicos de diferentes gravidades, sendo estas denominadas *E. coli* diarreio gênicas (DEC) e *E. coli* extraintestinal (ExPEC) (Nataro & Kaper, 1998).

Os principais patotipos diarreio gênicos são: *E. coli* enteropatogênica (EPEC), *E. coli* enterotoxigênica (ETEC), *E. coli* produtora de toxina Shiga (STEC), *E. coli*

entero-hemorrágica (EHEC), *E. coli* enteroinvasiva (EIEC), *E. coli* enteroagregativa (EAEC) e *E. coli* de adesão difusa (DAEC). Dentre estes, as cepas STEC e EHEC destacam-se pela capacidade de causar doenças graves, como a síndrome hemolítico-urêmica, frequentemente associada ao consumo de alimentos contaminados, de origem animal ou vegetal (Gomes et al., 2016; Pakbin et al., 2021).

Em suínos, DEC são associadas principalmente a quadros de diarreia neonatal e pós-desmame, podendo causar septicemia em animais jovens (Barcellos & Guedes, 2022). A contaminação por estas bactérias em carne *in natura* e produtos feitos a partir de carne suína, como os embutidos, reforçam a necessidade da adoção de estratégias eficazes de controle microbiológico ao longo da cadeia produtiva (Haque et al., 2022). Assim como as medidas para controle de *Salmonella* sp., as medidas que devem ser adotadas para reduzir a disseminação de *E. coli* nas granjas e consequente redução de animais infectados ao abate, demandam a frequente remoção das fezes das baias e a limpeza e desinfecção das instalações em cada troca de lote (Hotes et al., 2012).

2.4 Resistência aos antimicrobianos

Os antimicrobianos são essenciais para o tratamento e controle de infecções na medicina humana e veterinária, contribuindo significativamente para a saúde pública, segurança alimentar e aumento da produtividade de alimentos de origem animal. No entanto, o uso indiscriminado ou inadequado desses fármacos tem impulsionado consideravelmente a disseminação da resistência aos antimicrobianos. Apesar do desenvolvimento de resistência antimicrobiana ser considerado um processo natural das bactérias, o uso exacerbado de antibióticos favorece a permanência de bactérias resistentes aos antimicrobianos no ambiente e esta pressão seletiva sobre as bactérias contribui para a disseminação de resistência antimicrobiana em intervalos menores (Kasimanickam et al., 2021).

As bactérias podem apresentar resistência aos antibióticos por características próprias, intrínsecas da bactéria, ou por meio de mecanismos adaptativos adquiridos. A resistência intrínseca ocorre por propriedades naturais, como a baixa

permeabilidade ou impermeabilidade da membrana celular, que impede a ação efetiva do antimicrobiano, ou mecanismos ativos de efluxo, que expulsam o antimicrobiano antes que este alcance seu sítio de ação no interior da bactéria. A resistência adquirida ocorre por alterações no material genético das bactérias, devido a mutações espontâneas ou pela aquisição de genes de resistência (ARGs) de outras bactérias através da transferência horizontal de genes (HGT) (Jian et al., 2021). Estes processos de transferência de ARGs via HGT ocorre principalmente por intermédio de elementos genéticos móveis (MGEs), como plasmídeos, transposons e integrons, por ação de vírus bacteriófagos e pela formação de vesículas de membrana bacterianas (Partridge et al., 2018).

As principais formas de aquisição de ARGs pelas bactérias é o contato com elementos genéticos móveis de bactérias da mesma espécie ou de diferentes espécies (Sun et al., 2019). Estes genes podem se integrar a outras bactérias por processos de transformação, transdução e conjugação (Partridge et al., 2018). A transformação ocorre quando o DNA extracromossômico livre no ambiente extracelular é absorvido por bactérias naturalmente competentes ou transformáveis, que o integram ao próprio genoma (Johnston et al., 2014). A transdução descreve a transferência de DNA cromossômico ou extracromossômico entre bactérias através de um intermédio viral denominado bacteriófago, que são capazes de mobilizar e transferir fragmentos do genoma bacteriano (Chiang et al., 2019). Na conjugação, os elementos genéticos móveis como plasmídeos e elementos integrativos e conjugativos (ICEs) são transferidos entre bactérias, que estão em estrito contato, através de estruturas filamentosas da superfície bacteriana denominada pilus (Cabezón et al., 2014). A transferência de material genético também ocorre por intermédio de vesículas de membrana (MVs), em que ocorre a protusão da membrana externa e interna da bactéria detentora de ARGs, formando as MVs que se fundem a outras bactérias e carregam o DNA (Gill et al., 2019). Esses processos permitem que bactérias de diferentes espécies compartilhem rapidamente ARGs e ampliem seus mecanismos moleculares de resistência antimicrobiana, acelerando a emergência de populações de bactérias MDR (McInnes et al., 2020).

A resistência antimicrobiana, intrínseca ou adquirida, pode ser expressa pelas bactérias por mecanismos moleculares que modificam os alvos dos antimicrobianos, degradam os fármacos por meio de enzimas ou que realizam alterações químicas

diretamente nos antimicrobianos (Blair et al., 2015) A tabela 1 demonstra os mecanismos de ação de classes antimicrobianas utilizadas na produção animal, com classificação em grupos e os principais antibióticos.

Tabela 1. Classe, mecanismos de ação e grupo de antibióticos utilizados na produção animal.

Classe	Mecanismo de ação	Grupo	Antibiótico
Betalactâmicos	Bactericida, inibição da síntese de proteínas (parede celular bacteriana, nos peptidoglicanos)	Aminopenicilinas (Penicilina semisintética)	Amoxicilina Ampicilina
		Cefalosporinas de 2° geração	Cefaclor
		Cefalosporinas de 3° geração	Cefotaxima Ceftriaxona Ceftazidima
		Cefalosporinas de 4° geração	Cefepima
		Carbapenêmicos	Imipenem Meropenem
Quinolonas	Bactericida, inibição da DNA girase	Fluoroquinolonas de 2° geração	Ciprofloxacino Norfloxacino Enrofloxacina
Aminoglicosídeos	Bactericida, interferência na síntese de proteínas (ribossomo, 30S)	1° geração	Estreptomina
		2° geração	Gentamicina
Macrolídeos	Bacteriostático, interferência na síntese de proteínas (ribossomo, 50S e inibição do RNA transportador)	Azálido	Azitromicina
Anfenicóis	Bacteriostático, interferência na síntese de proteínas (ribossomo, 50S e inibição da peptidil transferase)	Derivado do dinitrofenilpropano	Cloranfenicol
Tetraclinas	Bacteriostático, interferência na síntese de proteínas (ribossomo, 30S)	1° geração	Tetraciclina
Sulfonamidas	Bacteriostático, inibição do ácido tetraidrofólico	Sulfonamida + Diaminopirimidina	Sulfametoxazol + Trimetoprima

Fontes: (Ballow & Amsden, 1992; CLSI, 2024a, 2024b; De Rosa et al., 2021; Francis, 2022; Hassanein, 2019; Pallo-Zimmerman et al., 2010; Rebstock et al., 1949; Spinosa et al., 2017; N. Wang et al., 2022).

As bactérias capazes de produzir as enzimas betalactamases de espectro estendido (ESBL) se destacam entre as formas de resistência, pois falhas em tratamentos clínicos com antibióticos betalactâmicos de diferentes gerações se tornam mais recorrentes (Damianos et al., 2025). A presença de outras enzimas junto a ESBL, como carbapenemases, representam um risco ainda maior por poder atuar em conjunto na inativação de antibióticos carbapênicos de última geração, por exemplo imipenem e meropenem (Nordmann et al., 2011).

Além das alterações mencionadas acima, a formação de biofilmes bacterianos pode contribuir significativamente para o desenvolvimento de bactérias multirresistentes, pois as bactérias alojadas nestas barreiras protetoras recebem baixos níveis de oxigênio e nutrientes, exigindo uma adaptação metabólica para sobreviver ao ambiente estressante, o que pode estimular os mecanismos de resistência aos antimicrobianos (Shree et al., 2023). A formação de biofilmes também favorece as trocas genéticas de genes de resistência antimicrobiana entre as bactérias, devido à alta quantidade de DNA extracelular e possibilidade de vários microrganismos estarem envolvidos pela mesma matriz (Fux et al., 2005). A presença de biofilmes em superfícies de processamento de alimentos é um grande desafio, devido as interações que podem ocorrer entre as bactérias, e pela resistência a ação de desinfetantes devido ao maior teor de biomassa presente nestas estruturas, dificultando o alcance dos produtos as células embutidas no biofilme (Y. Wang et al., 2025).

O impacto da resistência antimicrobiana é evidenciado pela necessidade crescente de tratamentos com antimicrobianos mais potentes, de amplo espectro e frequentemente mais caros, elevando significativamente os custos de saúde pública e aumentando o risco de falha terapêutica (Friedman et al., 2016). A resistência bacteriana avança em ritmo acelerado, enquanto a indústria farmacêutica não consegue desenvolver novos antimicrobianos com a mesma velocidade. Isso ocorre porque a pesquisa de novos medicamentos é lenta, cara e pouco lucrativa, ao passo que as bactérias evoluem rapidamente. Esse descompasso ameaça a eficácia dos tratamentos e representa um grave risco à saúde pública (Farha et al., 2025; Power, 2006).

As bactérias multirresistentes representam um grave desafio a saúde pública. Estimativas oficiais indicam que cerca de 70 mil pessoas morrem anualmente devido a infecções por microrganismos resistentes, e esse número poderá chegar a 10 milhões até 2050 (O'Neill, 2014). Neste cenário, *Salmonella* sp. e *E. coli* podem contribuir na disseminação da resistência, devido a ampla distribuição destas bactérias (Rana et al., 2024; Scaria et al., 2010). Essa capacidade de disseminar genes de resistência as coloca em posição de destaque como reservatórios, por isso, estudos e monitoramento nessas bactérias são considerados importantes (Haber Garcia et al., 2025; Rana et al., 2024). O desenvolvimento de bactérias multirresistentes representam um grande risco à saúde pública, devido ao uso frequente dos mesmos antibióticos ou classes antimicrobianas em tratamentos médicos e veterinários, podendo resultar em falhas nos tratamentos por resistência antimicrobiana, facilitada pela disseminação de ARGs entre as bactérias (Krüger et al., 2023). Especificamente sobre *E. coli*, pesquisas com esta bactéria são amplamente utilizadas em programas de vigilância da resistência antimicrobiana, por permitir o monitoramento da disseminação da resistência ao longo da cadeia produtiva de alimentos com praticidade e assertividade (Nyirabahizi et al., 2020)

Na indústria de abate e beneficiamento de animais de produção a disseminação de bactérias resistentes aos antibióticos pode ser intensificada por falhas na higiene e biossegurança, contribuindo com a contaminação de instalações, equipamentos e pessoas e desta forma propiciando a contaminação de alimentos por bactérias resistentes (Haber Garcia et al., 2025). Nas fazendas produtoras, a transmissão de ARGs por bactérias resistentes diretamente dos animais para humanos também representa um risco, reforçando a importância do controle integrado de bactérias multirresistentes em todas as etapas da cadeia produtiva de alimentos (Cho et al., 2025).

3 OBJETIVOS

3.1 Objetivo Geral

Avaliar a presença de *Salmonella* sp., *E. coli* e *E. coli* diarreio gênicas (DEC) em amostras de fezes e linfonodos obtidos de suínos no abate, e caracterizar os perfis de resistência antimicrobiana nos isolados obtidos.

3.2 Objetivos Específicos

- ✓ Avaliar a frequência de *Salmonella* sp. e DEC em suínos de diferentes lotes.
- ✓ Identificar os sorovares dos isolados de *Salmonella* sp.
- ✓ Caracterizar os perfis de resistência em isolados de *Salmonella* sp., *E. coli* e DEC.

4 MATERIAL E MÉTODOS

4.1 Amostragem

O estudo foi conduzido em um frigorífico de suínos localizado na macrorregião da Zona da Mata, Minas Gerais, Brasil, com abate médio de 2.500 animais por dia e certificado pelo Serviço de Inspeção Federal brasileiro. Amostras de fezes da porção final do reto ($n = 100$) e linfonodos mesentéricos ($n = 100$) foram coletas de 10 lotes, com 10 amostras de cada tipo por lote. Os suínos eram provenientes de granjas distintas da Zona da Mata Mineira. A correspondência entre as amostras de linfonodos e fezes foram mantidas considerando o lote das coletas.

Os swabs com amostras de fezes foram coletados após a etapa de escaldagem e armazenadas em meio de transporte Cary Blair. Os linfonodos foram coletados após a etapa de evisceração utilizando tesouras cirúrgicas estéreis em fragmentos de no mínimo 10 gramas. Todas as amostras foram refrigeradas após a coleta e enviadas ao laboratório para processamento

4.2 Pesquisa de *Salmonella* sp.

A pesquisa de *Salmonella* sp. nas amostras de fezes e linfonodos mesentéricos foi realizada conforme as diretrizes do “Bacteriological Analytical Manual” (BAM) com adaptações, elaborado pela “Food and Drug Administration” (FDA, 2024). Os swabs contendo as amostras de fezes foram transferidos para tubos de ensaio estéreis contendo 10 ml de APT 1% e homogeneizados em agitador. As amostras de linfonodos foram limpas em sua superfície com álcool 70% e fragmentadas com bisturi estéril em porções de 10 g. Em seguida, foram transferidas para embalagens estéreis contendo 90 ml de Água Peptonada Tamponada 1% (APT 1%) (Oxoid Ltd. Basingstoke, Inglaterra). Após estes procedimentos as amostras de fezes e linfonodos foram incubadas por 18-24 h a 37°C.

Após a incubação, uma alíquota de 1 ml de cada cultura foi transferida para tubos de ensaio com o caldo Tetrionato de Muller-Kauffmann (Oxoid), e uma alíquota de 0,1 ml de cada cultura foi transferida para tubos de ensaio contendo o meio de cultura Rappaport-Vassiliadis (Oxoid), com incubação por 18-24h a 37°C e 42°C, respectivamente. Em seguida, as culturas obtidas foram estriadas em placas de Petri contendo ágar Ágar Xilose Lisina Desoxicolato – XLD (Oxoid) e ágar Sulfito Bismuto - BS (Oxoid) e incubadas por 18-24 h a 37°C. Nas placas de BS foram consideradas características de *Salmonella* sp. as colônias pretas ou verde-acinzentadas, com ou sem brilho metálico. Nas placas de XLD, as colônias pretas foram consideradas características de *Salmonella* sp. e selecionadas para cultivo em Tríplice Açúcar e Ferro - TSI (Oxoid) e ao teste bioquímico em Ágar Lisina e Ferro - LIA (Oxoid), com leitura dos resultados realizada após incubação por 18-24 h a 37°C. Na cultura em TSI, considerou-se típico de *Salmonella* sp. os isolados que fermentaram glicose e não fermentaram lactose e sacarose, com ou sem produção de gás e de sulfeto de hidrogênio (H₂S). No teste bioquímico LIA, considerou-se positivos os isolados que produziram H₂S e apresentaram ou não descarboxilação da lisina. Os isolados que apresentaram características de *Salmonella* sp. no TSI e LIA foram submetidos a confirmação do gênero bacteriano através de ensaios de PCR avaliando a presença do gene *ompC* (Alvarez et al., 2004; Kwang et al., 1996).

O material genético dos isolados bacterianos foram extraídos através da técnica de fervura descrita por De Medici et al. (2003) com adaptações. As colônias do LIA foram transferidas para microtubos contendo 500 µL de água ultrapura e centrifugadas a 10.000 g por 7 minutos, e submetidas à fervura a 100°C em banho seco por 10 minutos e por nova centrifugação a 10.000 g por 7 minutos. Em seguida, o sobrenadante foi transferido para outro microtubo e utilizado para amplificação do material genético através de reações de PCR baseadas na metodologia de Alvarez et al. (2004) com adaptações. Foram preparadas reações com volume de 25 µL, composta por 2 µL de DNA da amostra, com concentração média de 20 ng/µL, 12,5 µL de GoTaq Green Master Mix (Promega, Madison, WI, USA), 8,5 µL de água livre de nuclease (Promega) e 1 µL de cada primer, descritos na tabela 2, com concentrações de 10 pmol/µL. As condições utilizadas para a reação foram: 95°C por 7 minutos para desnaturação inicial, 30 ciclos de 95°C por 20 segundos, 57°C por 20 segundos para

anelamento, 72°C por 30 segundos para extensão, e após o término destes 30 ciclos, 72°C por 5 minutos para extensão final.

Os produtos das reações de PCR foram submetidos a eletroforese, aplicando uma voltagem constante de 80 volts durante 40 minutos, em agarose 1,5% (Promega), corado com Unisafe (UniScience, Osasco, Brasil). Os fragmentos de DNA foram comparados com marcadores de DNA com 100 pb (Promega), visualizados e fotografados em transiluminador (L PIX – Loccus Biotechnology). A classificação dos isolados foi realizada de acordo com a tabela 2, em que amostras com banda de 204 pares de base (pb) foram consideradas positivas *Salmonella* sp. (Abdel-Kadhim Jawad & Al-Charrakh, 2015; Alvarez et al., 2004). Após a confirmação molecular, os isolados positivos foram armazenados em ágar nutriente para estoque em temperatura ambiente, e em glicerol 15% para armazenamento em ambiente refrigerado a -20°C e a -80°C. Todos os isolados de *Salmonella* sp. foram submetidos a identificação sorológica por aglutinação em lâmina seguindo o esquema de Kauffmann-White, no Instituto Adolfo Lutz localizado na cidade de São Paulo/SP (Grimont & Weill, 2007). A cepa NCTC 6017 foi utilizada como controle positivo para *Salmonella* sp.

4.3 Pesquisa de *E. coli* e DEC

O isolamento e caracterização de *E. coli* foi baseada em métodos de microbiologia tradicional. Os swabs com amostras de fezes foram semeados diretamente em ágar MacConkey (Oxoid) e incubados por 18-24 h a 37°C. As placas foram avaliadas, e quatro colônias com morfologia típica para *E. coli* e fermentadoras de lactose (colônias rosas) e três colônias atípicas para *E. coli*, não fermentadoras de lactose (colônias amarelas ou incolor), foram selecionadas e submetidas a uma série de testes bioquímicos para identificação das espécies, utilizando os meios de cultura EPM (Escola Paulista de Medicina), Citrato de Simmons e Mili (motilidade, indol e lisina), conforme Toledo, Pontes e Trabulsi (1982a, 1982b). A leitura dos resultados foi realizada após incubação por 18-24 h a 37°C, exceto o Citrato que permaneceu incubado por 5 dias a 37°C.

Nos testes bioquímicos, foram considerados isolados característicos de *E. coli* os que não metabolizaram o citrato, no teste de Citrato de Simmons, produziram indol e foram positivos ou negativos para presença de motilidade e descarboxilação da lisina, no MILi. Além disso, não produziram H₂S e foram positivos ou negativos para produção de gás, hidrólise de ureia e desaminação do triptofano, no EPM. Todos os isolados com perfis bioquímicos característicos de *E. coli* nos três testes, simultaneamente, foram transferidos para tubos contendo BHI e incubados por 18-24 h a 37°C. Em seguida, foram armazenados em ágar nutriente (Oxoid), para estoque em temperatura ambiente, e em Glicerol 15% para estoque em temperatura de -20°C e a -80°C.

Posteriormente, foram selecionados até dois isolados de *E. coli* de cada amostra de fezes para avaliação dos perfis de resistência aos antimicrobianos. Os isolados selecionados foram submetidos a reações de PCR multiplex e convencional para identificar os patotipos de DEC, avaliando a presença de genes de virulência. Os isolados estocadas em ágar nutriente foram recuperados por incubação a 37°C por 24h em tubos contendo BHI e seguiram para extração do material genético pela técnica de fervura (De Medici et al., 2003). Inicialmente, 500 µL do BHI incubado foram transferidos para microtubos e centrifugados a 10.000 g por 7 minutos. Em seguida, o sobrenadante foi descartado e adicionou-se 200 µL de água ultrapura, para que os isolados fossem submetidos à fervura a 100°C em banho seco por 10 minutos, seguido por nova centrifugação a 10.000 g por 7 minutos. O sobrenadante foi transferido para outro microtubo para ser utilizado na análise de PCR.

As amplificações por PCR multiplex e convencional foram realizadas de acordo com os procedimentos e primers descritos por Toma et al. (2003) e Aranda et al. (2004), com adaptações. O volume das reações foram de 20 µL e os primers foram descritos na tabela 2. As reações para o PCR Multiplex foram compostas de: 1 µL de DNA da amostra, com concentração média de 20 ng/µL, 10 µL de GoTaq® Green Master Mix (Promega), 5 µL de água livre de nuclease (Promega), 0,5 µL dos primers VT (gene *stx*) e dos primers AggR (gene *aggR*) e 0,252 µL dos primers IpaH (gene *ipaH*) e dos primers SK (gene *eae*), com concentrações de 10 pmol/µL. No PCR convencional foram utilizadas duas reações, uma reação para os primers LT (gene *e/t*) composta por: 1 µL de DNA da amostra, com concentração média de 20 ng/µL, 10 µL de GoTaq® Green Master Mix (Promega), 5 µL de água livre de nuclease

(Promega), 0,5 µL dos dois primers LT, com concentrações de 10 pmol/µL e uma reação para os primers LA (gene *est*) composta por: 1 µL de DNA da amostra, com concentração média de 20 ng/µL, 10 µL de GoTaq® Green Master Mix (Promega), 5 µL de água livre de nuclease (Promega), 0,5 µL dos dois primers LA, com concentrações de 10 pmol/µL. As condições utilizadas para as reações do PCR multiplex e convencional foram: 95°C por 5 minutos para desnaturação inicial, 30 ciclos de 95°C por 20 segundos para desnaturação, 52°C por 20 segundos para anelamento, 72°C por 30 segundos para extensão, e após o término destes 30 ciclos, 72°C por 7 minutos para extensão final.

Os produtos das reações de PCR foram submetidos a eletroforese, aplicando uma voltagem constante de 80 volts durante 40 minutos, em agarose 1,5% (Promega), corado com Unisafe (UniScience). Os fragmentos de DNA foram comparados com marcadores de DNA com 100 pb (Promega), visualizados e fotografados em transiluminador (L-PIX – Locus Biotechnology). A classificação dos isolados foi realizada de acordo com a Tabela 2. As cepas E2348/69, 042, H10407, EDL1284 e O157: H7 EDL933 foram utilizadas como controle positivo para EPEC, EAEC, ETEC, EIEC e STEC, respectivamente.

Tabela 2. Genes de virulência, primers, sequências e amplicons dos patótipos de *E. coli* e de *Salmonella* sp.

Microrganismos	Gene de virulência	Primers	Sequência (5'-3')	Amplicon (bp)
<i>E. coli</i> enteropatogênica (EPEC)	<i>eae</i>	SK1/SK2	F: CCCGAATTCGGCACAAGCATAAGC/ R: CCCGGATCCGTCTCGCCAGTATTCG	881
<i>E. coli</i> produtora de Shiga toxina (STEC)	<i>stx</i>	VTcom/ VTcomd	F: GAGCGAAATAATTTATATGTG/ R: TGATGATGGCAATTCAGTAT	518
<i>E. coli</i> enterotoxigênica termolábil (ETEC)	<i>elt</i>	LTL/LTR	F: TCTCTATGTGCATACGGAGC/ R: CCATACTGATTGCCGCAAT	322
<i>E. coli</i> enterotoxigênica termoestável (EETEC)	<i>est</i>	AL65/ AL125	F: TTAATAGCACCCGGTACAAGCAGG/ R: CCTGACTCTTCAAAGAGAAAATTAC	147
<i>E. coli</i> enteroinvasiva (EIEC)	<i>ipaH</i>	IpaHIII/ IpaHIV	F: GTTCCCTTGACCGCCTTTCCGATACCGT C/ R: GCCGGTCAGCCACCCTCTGAGAGTAC	619
<i>E. coli</i> enteroagregativa (EAEC)	<i>aggR</i>	AggRks1/ AggRks2	F: GTATACACAAAAGAAGGAAGC/ R: ACAGAATCGTCAGCATCAGC	254
<i>Salmonella</i> sp.	<i>ompC</i>	OmpCF/ OmpCR	F: ATCGCTGACTTATGCAATCG / R: CGGGTTGCGTTATAGGTCTG	204

* A identificação de EHEC baseou-se na presença dos genes *eae* e *stx* em conjunto.

Fonte: (Alvarez et al., 2004; Aranda et al., 2004; Toma et al., 2003).

4.4 Perfis de resistência aos antimicrobianos

Nesse estudo foram selecionados 18 antibióticos pertencentes a sete classes diferentes para a realização do teste de difusão em disco (teste de Kirby-Bauer). O procedimento para realização dos testes seguiu as recomendações do Clinical and Laboratory Standards Institute - CLSI (2024a, 2024b) e a classificação de importância dos antimicrobianos estabelecida pela Organização Mundial da Saúde (2024), considerando a relevância dos fármacos no tratamento de infecções por *Salmonella* sp. e *E. coli* em humanos e animais. Os antibióticos utilizados foram descritos na Tabela 3.

Tabela 3. Sigla e concentração dos antibióticos selecionados para avaliação de resistência antimicrobiana em isolados de *Salmonella* sp. e *E. coli*.

Sigla	Antibiótico	Concentração (µg/ml)
AMO	Amoxicilina	10
AMP	Ampicilina	10
CFC	Cefaclor	30
CTX	Cefotaxima	30
CRO	Ceftriaxona	30
CAZ	Ceftazidima	30
CPM	Cefepima	30
IPM	Imipenem	10
MER	Meropenem	10
CIP	Ciprofloxacino	5
NOR	Norfloxacino	10
ENO	Enrofloxacin	5
EST	Estreptomicina	10
GEN	Gentamicina	10
AZI	Azitromicina	15
CLO	Cloranfenicol	30
TET	Tetraciclina	30
SUT	Sulfametoxazol + Trimetoprima	1.25 + 23.75

Fontes: (Ballow & Amsden, 1992; CLSI, 2024a, 2024b; De Rosa et al., 2021; Francis, 2022; Hassanein, 2019; Pallo-Zimmerman et al., 2010; Rebstock et al., 1949; Spinosa et al., 2017; N. Wang et al., 2022).

Os isolados estocados em ágar nutriente foram recuperados em BHI a 37°C por 24 horas, e em seguida estriados em placas de MacConkey (Oxoid) para *E. coli* e em placas de XLD (Oxoid) para *Salmonella* sp. Após esse procedimento, colônias isoladas das placas foram incubadas novamente em caldo BHI por 24 horas a 37°C.

A partir desse caldo foi retirada uma alíquota para ajuste da concentração de células bacterianas em um novo tubo contendo BHI usando a escala 0,5 de McFarland como parâmetro. Após a padronização, as amostras foram estriadas através de swab em 3 sentidos distintos, se sobrepondo, em placas de Petri com ágar Mueller-Hinton (Becton Dickinson, Franklin Lakes, New Jersey, EUA). Em seguida, os discos da marca DME (Araçatuba, São Paulo, Brasil) para enrofloxacin, e os discos dos demais antibióticos, da marca Cefar (São Paulo, São Paulo, Brasil), foram distribuídos nas placas que seguiram para incubação a 37°C por 16 a 18 horas (Bauer et al., 1966).

Após incubação, os diâmetros dos halos de inibição foram medidos para avaliação da resistência antimicrobiana dos isolados. Para enrofloxacin, utilizou-se o parâmetro direcionado para as aves da edição CLSI VET01S (CLSI, 2024a) e para os demais antibióticos a interpretação foi baseada nas referências do CLSI M100 (CLSI, 2024b).

Além disso, foi avaliado a capacidade dos isolados de *Salmonella* sp. e *E. coli* em produzir enzimas ESBL através do ensaio de difusão em disco duplo (EUCAST, 2017). Quatro antimicrobianos foram utilizados como triagem, cefepima (30 µg) cefotaxima (30 µg), ceftriaxona (30 µg) e ceftazidima (30 µg), sendo o primeiro cefalosporina de quarta geração e os demais cefalosporinas de terceira geração. (CLSI, 2024b; EUCAST, 2017). Os isolados que apresentaram resistência ou resistência intermediária a algum destes antibióticos seguiram para a pesquisa de ESBL. Nesse teste, os isolados cultivados em BHI foram estriados, em 3 sentidos distintos, utilizando um swab em placas de Petri contendo ágar Mueller-Hinton. Em seguida, um disco de Amoxicilina/Clavulânico (20ug/10ug) foi disposto no centro da placa e quatro discos, referentes aos antibióticos cefotaxima (30 mg), cefepima (30 mg), ceftazidima (30 mg) e ceftriaxona (30 mg), foram dispostos ao redor do disco central a uma distância de 2 cm. As placas foram incubadas a 37°C por 24 h e posteriormente identificou-se os isolados capazes de produzir ESBL a partir da zona de inibição formada (Ziech et al., 2016). *E. coli* ATCC 25922, adquirida do American

Type Culture Collection (ATCC, Manassas, VA, EUA), foi utilizada como controle positivo nos testes de resistência antimicrobiana em *Salmonella* e *E. coli*. Os diâmetros dos halos de inibição foram comparados com as faixas de controle estabelecidas pelo CLSI M100 (CLSI, 2024b). As cepas com resistência a três ou mais classes simultaneamente foram consideradas MDR (Magiorakos et al., 2012).

4.5 Análises estatísticas

Inicialmente foi avaliado as frequências de resultados positivos para *Salmonella* sp. e DEC por amostras coletadas e por lotes, considerando os resultados obtidos em amostras de linfonodos e fezes. Os isolados identificados como *Salmonella* sp. e *E. coli* foram classificados como resistentes, resistentes intermediários e susceptíveis aos antibióticos testados, e as frequências obtidas foram comparadas por Chi-quadrado ($p < 0.05$) para verificação de diferenças estatísticas por lote. Todas as análises descritivas e estatísticas foram realizadas utilizando o software XLSTAT, versão 2024.1 (Lumivero, 2024).

5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1 Ocorrência de *Salmonella* sp.

Do total de dez lotes avaliados no estudo, *Salmonella enterica* subsp. *enterica* foi confirmada em 5/10 (50,0%) lotes pesquisados, dos quais 5/10 (50%) lotes de amostras de linfonodos mesentéricos foram positivos e 3/10 (30%) lotes de amostras de fezes foram positivos. Três lotes apresentaram amostras positivas para a pesquisa de *S. enterica* simultaneamente em linfonodos e fezes. As frequências para a pesquisa de *S. enterica* estão apresentadas na tabela 4.

Tabela 4. Lote, n° de amostras, resultados das análises estatísticas e quantidade de isolados de *S. enterica* obtidos de amostras de fezes e de linfonodos mesentéricos coletados em frigorífico de suínos.

Lote	Total de amostras fezes	<i>Salmonella enterica</i> *		Total de amostras Linfonodos	<i>Salmonella enterica</i> **	
		N° de amostras positivas	N° de isolados		N° de amostras positivas	N° de isolados
1	10	1	4	10	2	11
2	10	0	0	10	0	0
3	9	0	0	10	0	0
4	10	1	8	10	6	37
5	10	2	3	10	3	10
6	10	0	0	10	3	16
7	9	0	0	10	2	7
8	7	0	0	10	0	0
9	10	0	0	10	0	0
10	10	0	0	10	0	0
Total	95	4	15	100	16	81

* $X^2 = 10.7$, $df = 9$, $p = 0.297$, ** $X^2 = 27.1$, $df = 9$, $p < 0.05$,

Fonte: elaborado pelo próprio autor.

Em relação a análise microbiológica, foram obtidos no total 96 isolados de *S. enterica*, sendo 81 provenientes de linfonodos mesentéricos e 15 de fezes. A comparação global entre as frequências de *S. enterica* em linfonodos por lote indicou

diferença estatística significativa ($p < 0.05$). Contudo, a comparação pareada entre todos os lotes não demonstrou diferenças significativas ($p > 0,05$). A comparação global entre as frequências de *S. enterica* em fezes por lote não indicou diferença significativa ($p = 0.297$).

S. enterica foi identificado em 16 amostras de linfonodo, o que representa 16% de positividade. Outros estudos brasileiros demonstraram diferentes porcentagens de positividade em linfonodos mesentéricos de suínos, no trabalho de Azevedo et al. (2021) realizado no estado de Minas Gerais, *Salmonella* sp. foi identificado em 10% das amostras de linfonodos mesentéricos; no trabalho de Bessa et al. (2004) realizado no estado do Rio Grande do Sul, *Salmonella* sp. foi identificado em 17,6%; no trabalho de Silva et al. (2009) realizado no estado do Mato Grosso *Salmonella* sp. foi identificado em 19,39%; no estudo realizado por Possebon et al. (2020) no estado de São Paulo, *Salmonella* sp. foi identificada em 36,4% das amostras, no estudo de Viana et al. (2019) no estado do Paraná, *Salmonella* sp. foi isolada em 43% das amostras pesquisadas e no estudo de Kich et al. (2011) no estado de Santa Catarina, *Salmonella* sp. foi identificado em 46% das amostras pesquisadas.

Na União Europeia, um estudo realizado na Irlanda descreveu ocorrência de *Salmonella* sp. em 31,7% dos linfonodos avaliados e indicou que os resultados obtidos, considerando todos os tipos de amostras, representaram uma redução na contaminação da carcaça comparado com outros estudos de anos anteriores. No entanto, destacou a prevalência significativa da bactéria em linfonodos (Deane et al., 2022).

A variabilidade de animais portadores pode ser influenciada por diversos fatores, entre eles a mistura de lotes de diferentes origens e idades nas granjas apresenta influência direta na disseminação da bactéria pelo rebanho e consequente aumento de animais portadores (Smith et al., 2023). Situações de estresse como o transporte ao frigorífico podem resultar em maior excreção de *Salmonella* sp. pelas fezes (Silva et al., 2009). Períodos mais longos de espera nas baias que antecedem o abate também podem gerar maior excreção e possível contaminação de outros animais (Bonardi et al., 2016). A presença de *Salmonella* sp. nos linfonodos mesentéricos representa um risco mesmo sem que a excreção pelas fezes ocorra, devido as incisões ou remoção destes tecidos ao longo das etapas de inspeção e

processamento, potencializando as chances de contaminação cruzada de outras carcaças por meio de utensílios e instalações não desinfetadas corretamente (Biasino et al., 2018).

A presença de *Salmonella* sp. em linfonodos mesentéricos de animais saudáveis representa uma ameaça direta a segurança dos produtos finais destinado ao consumo humano, pois os linfonodos são frequentemente incorporados à carne moída utilizada em produtos embutidos, devido a sua localização anatômica. (Harvey et al., 2020). Um estudo brasileiro realizado em Porto Alegre por Mürmann et al. (2009) demonstrou presença de *Salmonella* sp. em 24,4% das amostras de linguiças frescas prontas para venda avaliadas e as cepas submetidas a análise de resistência antimicrobiana demonstraram uma resistência geral a 11 dos 14 antibióticos testados. Mundialmente, surtos por *Salmonella* sp. associados a embutidos de carne suína são amplamente relatados. As crianças foram o grupo mais frequente nos surtos descritos, com *S. Typhimurium*, principalmente em sua variante monofásica, sendo o sorovar mais relatado (Arnedo-Pena et al., 2016; Bone et al., 2010; Helmuth et al., 2019).

Outra preocupação é o uso de matrizes reprodutoras descartadas para fabricação destes alimentos processados, pois estes animais são expostos a diversos tratamentos com antibióticos ao longo da vida produtiva e podem carrear cepas com resistência a diferentes antimicrobianos (Wottlin et al., 2024). No estudo de Garrido et al. (2020), matrizes reprodutoras foram avaliadas e *Salmonella* sp. foi isolada em 6,1% dos linfonodos, dos quais 56,3% dos isolados foram classificados como MDR por apresentar resistência a mais de 3 classes de antimicrobianos.

Em relação as amostras de fezes, *S. enterica* foi identificado em 4/95 (4,2%) das amostras. Outros estudos brasileiros semelhantes demonstraram diferentes frequências de positividade para *Salmonella* em amostras de fezes. No trabalho de Teixeira (2006) realizado no estado de São Paulo, *Salmonella* sp. foi identificado em 13% das amostras de fezes; no trabalho de Bessa et al. (2004) realizado no estado do Rio Grande do Sul, *Salmonella* sp. foi identificado em 18,3% das amostras de fezes e no trabalho de Kich et al. (2011) realizado no estado de Santa Catarina, *Salmonella* sp. foi identificado em 44% das amostras de fezes.

As fezes são consideradas as fontes de contaminação inicial mais importantes em frigoríficos, com isso a menor frequência de *Salmonella* sp. no intestino dos suínos

determina em menor probabilidade de contaminação das carcaças, demonstrando a importância de manejos adequados dos animais principalmente na fase final de crescimento para reduzir a disseminação da bactéria na granja e conseqüentemente a quantidade de animais portadores (Pesciaroli et al., 2017).

A sorotipagem de *Salmonella* sp. revelou a presença de *S. enterica* subsp. *enterica* dos sorovares Panama, Typhimurium variante monofásica (4,[5],12:i:-) e Minnessota, conforme demonstrado na Tabela 4. Ao total foram avaliados 96 isolados obtidos de 20 amostras de 5 lotes distintos, em que 16 amostras eram de linfonodos e 4 amostras eram de fezes. O lote 1 apresentou *S. Panama* em amostras de linfonodos e fezes. O lote 4 apresentou *S. Panama* em amostras de linfonodos e fezes e *S. Typhimurium* (4,[5],12:i:-) em linfonodos. O lote 5 apresentou *S. Panama* em amostras de linfonodos e fezes e *S. Minnessota* em linfonodos. O lote 6 apresentou *S. Panama* e *S. Typhimurium* (4,[5],12:i:-) em amostras de linfonodos. O lote 7 apresentou *S. Panama* em amostras de linfonodos. Apenas o lote 6 apresentou positividade para dois sorovares na mesma amostra, com identificação de *S. Panama* e *S. Typhimurium* (4,[5],12:i:-) em amostra de linfonodos.

O sorovar Panama foi identificado em 18/20 (90%) amostras avaliadas, sendo 14/20 (70%) amostras de linfonodos 4/20 (20%) amostras de fezes. O sorovar Typhimurium (4,[5],12:i:-) foi identificado em 2/20 (10%) amostras avaliadas, apenas em linfonodos. Enquanto o sorovar Minnessota foi identificado em 1/20 (5%) amostras avaliadas, apenas em linfonodos.

Tabela 5. Frequência dos sorovares de *S. enterica* obtidos de amostras de linfonodos mesentéricos e fezes coletadas em frigorífico de suínos.

Sorovar	N° de amostras de <i>Salmonella enterica</i> subsp. <i>enterica</i>				Total N° (%)
	Linfonodos		Fezes		
	N° de isolados	Lotes	N° de isolados	Lotes	
<i>S. Panama</i>	66	1, 4, 5, 6, 7	15	1, 4, 5	81/96 (84,4)
<i>S. Typhimurium</i> (4,[5],12:i:-)	9	4, 6	0		09/96 (9,4)
<i>S. Minnessota</i>	6	5	0		06/96 (6,2)
Total	81		15		96

Fonte: elaborado pelo próprio autor.

Na classificação de *S. enterica* em sorogrupos, o sorogrupo O:4 é o mais relevante a produção suína, com os sorovares Typhimurium e Derby sendo os principais (Biasino et al., 2018; Kich et al., 2011). O sorovar Typhimurium e sua variante monofásica (4,[5],12:i:-) são o segundo e terceiro principais sorovares vinculados a infecções em humanos na União Europeia, respectivamente, e após os perus e frangos de corte, os suínos apresentam o maior número de amostras positivas em programas de vigilância de frigoríficos europeus (EFSA, 2024b). O sorovar Panama, alocado no sorogrupo O:9, é menos prevalente comparado ao sorovar Typhimurium porém também é relacionado a indústria suína e outras fontes de alimentos em todo o mundo (Pulford et al., 2019). O sorovar Minnesota, alocado ao sorogrupo O:21, é mais frequente em aves e tem sido cada vez mais relatado (Grimont & Weill, 2007; Kipper et al., 2020).

Em estudos brasileiros semelhantes, os sorovares mais identificados foram o Typhimurium e Derby. No entanto, os sorovares Agona, London, Infantis e Havana também são relatados, porém em frequências mais variadas em comparação aos principais (Bessa et al., 2004; De Azevedo et al., 2021; Kich et al., 2011; Possebon et al., 2020; Silva et al., 2009). O sorovar Panama também foi relatado entre os mais prevalentes em um estudo conduzido no sul do Brasil (Kich et al., 2011). Em outros países os sorovares Typhimurium e Derby também foram os mais frequentes, com destaque para o aumento de frequência da variante monofásica do sorovar Typhimurium (Biasino et al., 2018; Bonardi et al., 2016; Gonçalves et al., 2024; Pesciaroli et al., 2017; Trevisani et al., 2025). Esta diversidade de sorovares identificados pode ocorrer devido as diferentes fontes de contaminação dos animais nas granjas ou no frigorífico, ou por contaminação cruzada das carcaças durante o abate (Kich et al., 2005).

5.2 Ocorrência de *E. coli* comensal e DEC

Das 100 amostras de fezes, 5 amostras foram comprometidas ao longo do processamento e descartadas, resultando na análise de 95 amostras e um total de 397 isolados foram obtidos. No subgrupo de 182 isolados selecionados para análise

de virulência e antibiograma, três isolados foram classificados como EPEC por apresentar o gene *eae*, nenhum dos outros patótipos pesquisados foi identificado nos 179 isolados restantes. Os três isolados de EPEC foram provenientes de duas amostras de dois lotes distintos, representando uma positividade em 2/10 (20%) lotes e 3/182 (1.6%) isolados. Para as análises de isolamento de EPEC em fezes, não foram observadas diferenças significativas entre os lotes avaliados ($p > 0,05$), conforme demonstrado na Tabela 6.

Em estudos semelhantes, avaliando frequência de DEC em fezes de suínos, Borges (2011) identificou positividade de 5,7% para EPEC e Gonçalves et al. (2024) identificou positividade de 1,3% para STEC e 2,6% para ETEC. Os principais reservatórios de *E. coli* diarréiogênicas na produção animal são os bovinos, com destaque para STEC devido a sua relevância a Saúde Pública (Costa et al., 2024). Porém, suínos domésticos podem ser portadores e excretar cepas diarréiogênicas de *E. coli*, como STEC, evidenciando a necessidade de investigação contínua (Tseng et al., 2014). Em carne suína, e outros alimentos de origem animal, a identificação de *E. coli* diretamente de amostras de alimento é frequentemente utilizada como indicador de higiene, auxiliando no controle de qualidade do processamento dos alimentos (Ghafir et al., 2008).

Tabela 6. Quantidade de isolados de *E. coli* obtidos de amostras de fezes coletadas em frigorífico de suínos e número de isolados selecionados para avaliação de resistência antimicrobiana.

Lote	<i>Escherichia coli</i>		
	Nº de amostras positivas	Nº de isolados	Selecionados para RAM
1*	10	44	20
2	10	38	18
3	9	35	17
4*	10	41	19
5	10	39	18
6	10	52	20
7	9	42	17
8	7	25	14
9	10	40	20
10	10	41	19
Total	95	397	182

* Lotes nos quais foram identificados isolados de EPEC

$$\chi^2 = 7.7, \text{ df} = 9, \text{ p} = 0.569$$

Fonte: elaborado pelo próprio autor.

5.3 Resistência antimicrobiana e ESBL

Os isolados de *S. enterica* (n = 96) apresentaram maior resistência a amoxicilina e ampicilina com 91/96 (94,8%) isolados resistentes, seguido por tetraciclina com 89/96 (92,7%), cloranfenicol com 90/96 (93,8%) e estreptomicina com 54/96 (56,3%), conforme demonstrado na Tabela 7. Em relação aos isolados provenientes de linfonodos mesentéricos (n = 81), as frequências de resistência mais altas foram referentes à amoxicilina, ampicilina e cloranfenicol, com 76/81 (93,8%) isolados com resistência a estes três antibióticos, seguido por tetraciclina com 75/81 (92,6%) e estreptomicina com 46/81 (56,8%). Para os demais antibióticos (cefepima, cefotaxima, ceftriaxona, ceftazidima, cefaclor, imipenem, meropenem, ciprofloxacino, norfloxacino, enrofloxacina, gentamicina, azitromicina, sulfametoxazol + trimetoprima), os isolados apresentaram resistência igual ou inferior a 19/81 (23,5%).

Os resultados referentes à resistência dos isolados de *S. enterica* provenientes de amostras de fezes ($n = 15$), apresentaram perfis de resistência similares aos isolados de linfonodos, com as maiores frequências associadas à: amoxicilina e ampicilina, ambos com 15/15 (100%) isolados resistentes, seguido por tetraciclina e cloranfenicol com 14/15 (93,3%) em ambos e estreptomicina com 8/15 (53,3%). Apenas para enrofloxacina os isolados apresentaram uma frequência maior de resistência quando comparado com as frequências provenientes dos linfonodos, com 6/15 (40,0%) isolados de fezes resistentes e 19/81 (23,5%) isolados de linfonodos resistentes. Para os demais antibióticos, os isolados apresentaram resistência igual ou inferior a 4/15 (26,7%).

As altas frequências de resistência aos antibióticos citados acima foram evidenciadas em estudos semelhantes, demonstrando que estes fármacos estão entre os antibióticos com maior nível de resistência em *Salmonella* sp. de origem suína. O antibiótico estreptomicina destacou-se com resistência acima de 90% nos estudos de Bonardi et al. e Viana et al. (Bonardi et al., 2016; Haber Garcia et al., 2025; Viana et al., 2019). A comparação dos resultados demonstrou diferentes padrões de resistência, devido as frequências variadas de resistência entre os antibióticos mais relevantes. Estes diferentes padrões de resistência antimicrobiana podem ocorrer por diversos fatores. Ao considerar que a comparação foi realizada com investigações que analisaram o mesmo tipo de amostra, uma hipótese que pode justificar estas diferenças é a influência da pressão seletiva exercida pelo uso de distintos antibióticos nas granjas, repercutindo em seleção de bactérias resistentes aos fármacos mais utilizados (Sampaio et al., 2024; Viana et al., 2019).

Os isolados de *S. enterica* apresentaram maior frequência de resistência aos antibióticos disponíveis no mercado a mais tempo; essa característica pode ocorrer devido à pressão de seleção causada pelo uso destes fármacos nos sistemas de produção ao longo dos anos (Afolami & Onifade, 2018; Yin et al., 2016). Em contraste, aos antibióticos mais recentes, como cefalosporinas de 3° e 4° geração, os isolados apresentaram baixa frequência de resistência, no total pesquisado ($n = 96$) as frequências de resistência foram: 11/96 (11,5%) isolados com resistência para cefotaxima e ceftazidima e 8/96 (8,3%) resistentes à ceftriaxona e cefepima. Porém, dentre os dez lotes pesquisados, o lote 1 ($n = 15$) se destacou por apresentar 9/15

(60,0%) isolados resistentes a cefotaxima, ceftazidima e cefepima e 8/15 (53,3%) a ceftriaxona (Tabela 7).

A resistência a estes antimicrobianos representa um risco eminente, por serem medicamentos utilizados para tratamento de infecções por bactérias MDR cada vez mais presentes em humanos em todo o mundo (WHO, 2024). Portanto, o risco associado à presença de *Salmonella* sp. com resistência completa ou intermediária na cadeia suínica pode estar associado a possibilidade de transmissão destas bactérias para outros suínos e para os humanos ao longo das etapas de produção, abate e processamento industrial (EFSA, 2021).

O uso desses fármacos em aves é proibido em todos os países da União Europeia e em suínos em alguns países europeus, por serem considerados antimicrobianos de alta prioridade para a medicina humana (EFSA, 2024a; Moura et al., 2023). Entretanto, no Brasil são disponíveis para uso na medicina veterinária e humana (WHO, 2024). Embora os resultados apresentados indiquem uma baixa frequência, a identificação em alguns lotes demonstra a importância do monitoramento constante e das pesquisas relacionadas à cadeia de produção suína (Tabela 7).

Em relação aos perfis de resistência intermediária em *S. enterica* (n = 96), observou-se que os valores mais elevados foram para ciprofloxacina com 84/96 (87,5%) e enrofloxacin com 66/96 (68,8%), para os demais antibióticos os isolados apresentaram resistência intermediária de até 17/96 (17,7%). A resistência intermediária pode representar um estágio transitório para o desenvolvimento de resistência completa a estas quinolonas de segunda e terceira geração, classificadas como antimicrobianos de grande importância pela Organização Mundial da Saúde (2024). No nosso estudo, 6/15 (40,0%) isolados de *S. enterica* proveniente de fezes já apresentaram resistência completa a enrofloxacin, o que corrobora com a ocorrência deste processo.

Tabela 7. Frequências de resistência aos 18 antibióticos testados nos 96 isolados de *S. enterica* provenientes de amostras de linfonodos mesentéricos e fezes coletadas em frigorífico de suínos.

Salmonella enterica																				
	Lote	Isolados	Betalactâmicos									Quinolonas			Aminoglicosídeos		Macrolídeos	Antenocóis	Tetraciclina	Sulfonamidas
			AMO	AMP	CPM	CTX	CRO	CAZ	CFC	IPM	MER	CIP	NOR	ENO	EST	GEN	AZI	CLO	TET	SUT
Resistente	1	15	1,0	1,0	0,6	0,6	0,5	0,6	0,1	0,2	0,1	0,3	0,0	0,8	0,5	0,5	0,1	0,9	1,0	0,0
	4	45	1,0	1,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,2	0,0	0,3	0,6	0,2	0,0	1,0	1,0	0,0
	5	13	0,6	0,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,2	0,0	0,1	0,8	0,5	0,0
	6	16	1,0	1,0	0,1	0,1	0,1	0,1	0,2	0,1	0,1	0,0	0,0	0,1	0,8	0,0	0,1	1,0	0,9	0,0
	7	7	1,0	1,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,6	0,0	0,0	1,0	1,0	0,0
	Total	96	0,9	0,9	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,0	0,1	0,0	0,3	0,6	0,2	0,0	0,9	0,9	0,0
Intermediário	1	15	0,0	0,0	0,3	0,2	0,3	0,3	0,1	0,0	0,0	0,7	0,1	0,2	0,3	0,4	0,0	0,1	0,0	0,0
	4	45	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0	0,8	0,0	0,7	0,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
	5	13	0,2	0,0	0,0	0,1	0,0	0,0	0,1	0,0	0,0	0,8	0,2	0,6	0,0	0,2	0,0	0,0	0,1	0,0
	6	16	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	1,0	0,0	0,9	0,2	0,2	0,0	0,0	0,1	0,0
	7	7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	1,0	0,0	1,0	0,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
	Total	96	0,0	0,0	0,1	0,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,8	0,1	0,7	0,2	0,1	0,0	0,0	0,0	0,0

0.0  1.0

* Os lotes com diferenças estatísticas em relação aos demais foram destacados em negrito.

** O valor 1.0 (cor azul) indica resistência em 100% dos isolados do lote.

Fonte: elaborado pelo próprio autor.

E. coli está presente na microbiota dos suínos e a seleção desta bactéria é de suma importância na pesquisa da resistência antimicrobiana (Reid et al., 2017; Siddi et al., 2025). Nos isolados avaliados de *E. coli* provenientes de amostras de fezes (n = 182), os padrões de resistência foram mais amplos, conforme demonstrado na Tabela 8. No entanto, as maiores frequências também foram associadas a amoxicilina com 167/182 (91,8%) dos isolados resistentes, seguido por ampicilina com 162/182

(89,0%), cloranfenicol com 144/182 (79,1%), tetraciclina com 136/182 (74,7%), ciprofloxacina com 132/182 (72,5%) e estreptomicina com 131/182 (72,0%). Além desses, para enrofloxacina, sulfametoxazol + trimetoprima e norfloxacino, os isolados também apresentaram altas frequências, com 131/182 (72,0%), 107/182 (58,8%) e 82/182 (45,1%), respectivamente. Para os demais antibióticos, os isolados apresentaram resistência igual ou inferior a 34/182 (18,7%).

O alto perfil de resistência aos antimicrobianos testados reforça a preocupação com o uso de antibióticos que possuem o mesmo princípio ativo em humanos e animais, devido a seleção dos mesmos genes de resistência que podem resultar em menor eficiência dos fármacos e consequente falhas em tratamentos clínicos (Sampaio et al., 2024). Em estudos semelhantes a ampla resistência em *E. coli* também foi observada, reforçando a disseminação de genes de resistência antimicrobiana nesta bactéria. No estudo de Coelho et al. (2024), os isolados de *E. coli* apresentaram maior resistência a amoxicilina e ampicilina com frequências próximas as observadas em nosso estudo, assim como sulfonamida sem associação a trimetoprima, cloranfenicol e estreptomicina. A maior variação foi observada na sulfonamida, com cerca de 25% a mais de frequência de resistência a este antibiótico neste estudo citado em que não havia associação a trimetoprima. No estudo de Sampaio et al. (2024), os isolados apresentaram maior resistência a tetraciclina, cloranfenicol e amoxicilina, respectivamente. A resistência a Sulfametoxazol + trimetoprima e ciprofloxacina foi cerca de 20% a menos em comparação a este estudo.

Em relação a resistência intermediária em *E. coli*, os isolados apresentaram maior frequência a gentamicina, com 51/182 (28,0%). O início do processo de resistência a este antibiótico pode-se justificar pela resistência cruzada desenvolvida a diferentes aminoglicosídeos quando há o uso desta classe antimicrobiana nas granjas, sendo que para estreptomicina 131/182 (72,0%) dos isolados apresentaram resistência completa, reforçando esta possibilidade (Thorbjarnardóttir et al., 1978; Wangkheimayum et al., 2022). Como estes aminoglicosídeos citados são de uso permitido na medicina veterinária e humana, o uso indiscriminado destes antibióticos demanda vigilância e medidas efetivas de controle de forma contínua, pois a disseminação de bactérias resistentes a estes antibióticos pode resultar em falhas em tratamentos e internações hospitalares em humanos (WHO, 2024). Para os demais

antibióticos, *E. coli* apresentou resistência intermediária igual ou inferior a 35/182 (19,2%).

Tabela 8. Frequências de resistência aos 18 antibióticos testados no subgrupo de 182 isolados de *E. coli* provenientes de amostras de fezes coletadas em frigorífico de suínos.

<i>Escherichia coli</i>		Lote	Isolados	Betalactâmicos									Quinolonas			Aminoglicosídeos		Macrolídeos	Anficolis	Tetracilinas	Sulfonamidas
				AMO	AMP	CPM	CTX	CRO	CAZ	CFC	IPM	MER	CIP	NOR	ENO	EST	GEN	AZI	CLO	TET	SUT
Resistente	1	20	0,8	0,8	0,2	0,2	0,2	0,2	0,1	0,0	0,0	0,7	0,5	0,7	1,0	0,3	0,6	0,9	0,8	0,9	
	2	18	0,9	0,9	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,0	0,0	0,9	0,6	1,0	0,8	0,2	0,2	0,9	0,8	0,8	
	3	17	0,8	0,8	0,0	0,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,9	0,5	0,9	0,9	0,4	0,2	0,8	0,9	0,6	
	4	19	0,9	0,8	0,0	0,2	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0	0,9	0,5	0,9	0,7	0,1	0,1	0,3	0,6	0,4	
	5	18	1,0	0,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,3	0,1	0,2	0,4	0,3	0,1	0,9	0,6	0,5	
	6	20	1,0	1,0	0,2	0,2	0,2	0,1	0,2	0,0	0,0	0,7	0,5	0,7	0,6	0,2	0,3	0,9	0,5	0,6	
	7	17	1,0	1,0	0,1	0,1	0,1	0,1	0,2	0,1	0,0	0,6	0,4	0,7	0,8	0,2	0,1	0,8	0,8	0,6	
	8	14	0,9	0,9	0,0	0,1	0,1	0,0	0,1	0,0	0,0	0,8	0,4	0,8	0,9	0,2	0,0	0,9	0,9	0,7	
	9	20	0,9	0,9	0,0	0,1	0,0	0,0	0,1	0,0	0,0	0,6	0,3	0,5	0,5	0,1	0,1	0,8	0,9	0,4	
	10	19	0,9	0,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,9	0,7	0,8	0,7	0,0	0,1	0,9	0,8	0,5	
Total		182	0,9	0,9	0,0	0,1	0,1	0,0	0,1	0,0	0,0	0,7	0,5	0,7	0,7	0,2	0,2	0,8	0,7	0,6	
Intermediário	1	20	0,1	0,1	0,3	0,2	0,0	0,1	0,1	0,1	0,0	0,2	0,2	0,3	0,1	0,6	0,0	0,1	0,0	0,0	
	2	18	0,0	0,0	0,1	0,1	0,0	0,0	0,1	0,0	0,0	0,1	0,1	0,0	0,1	0,3	0,0	0,1	0,2	0,0	
	3	17	0,0	0,0	0,1	0,2	0,1	0,0	0,0	0,1	0,1	0,1	0,2	0,1	0,1	0,2	0,0	0,0	0,1	0,0	
	4	19	0,0	0,1	0,3	0,2	0,2	0,2	0,1	0,3	0,2	0,0	0,3	0,1	0,2	0,3	0,0	0,2	0,0	0,0	
	5	18	0,0	0,1	0,0	0,1	0,1	0,1	0,0	0,1	0,0	0,2	0,1	0,4	0,1	0,1	0,0	0,0	0,2	0,1	
	6	20	0,0	0,0	0,1	0,0	0,0	0,2	0,0	0,0	0,0	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,0	0,0	0,3	0,0	
	7	17	0,0	0,0	0,1	0,0	0,0	0,1	0,0	0,0	0,0	0,1	0,2	0,2	0,0	0,2	0,0	0,1	0,1	0,1	
	8	14	0,0	0,0	0,1	0,0	0,0	0,1	0,0	0,0	0,0	0,1	0,1	0,1	0,0	0,1	0,0	0,0	0,0	0,1	
	9	20	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0	0,1	0,0	0,1	0,0	0,4	0,2	0,5	0,2	0,3	0,0	0,1	0,0	0,1	
	10	19	0,0	0,0	0,2	0,4	0,1	0,0	0,1	0,0	0,0	0,1	0,2	0,2	0,2	0,5	0,0	0,1	0,1	0,1	
Total		182	0,0	0,0	0,1	0,1	0,0	0,1	0,0	0,1	0,0	0,1	0,2	0,2	0,1	0,3	0,0	0,1	0,1	0,0	

0.0    1.0

* Os lotes com diferenças estatísticas em relação aos demais foram destacados em negrito.

** O valor 1.0 (cor azul) indica resistência em 100% dos isolados do lote.

Fonte: elaborado pelo próprio autor.

A análise dos perfis de resistência antimicrobiana revelou elevadas taxas de resistência entre os isolados de *S. enterica* e *E. coli*, com destaque para a resistência aos antimicrobianos das classes β -lactâmicos de primeira geração (amoxicilina e ampicilina), tetraciclina (tetraciclina) e anfenicóis (cloranfenicol), tanto nos isolados de linfonodos quanto de fezes pesquisados. Este resultado pode refletir o uso intenso destes antimicrobianos ou de outros que podem conferir co-resistência ou resistência cruzada aos fármacos avaliados, demonstrando a complexidade dos processos que envolvem a disseminação de resistência antimicrobiana (Zhao et al., 2024).

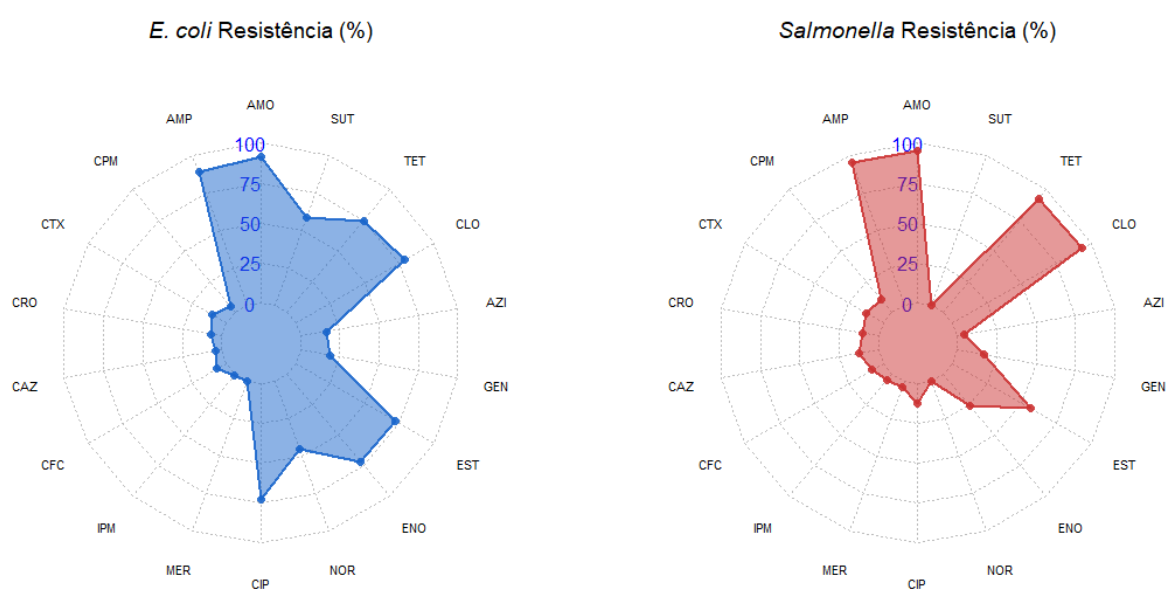
Mesmo com a proibição do uso de cloranfenicol em animais destinados à produção de alimentos no Brasil desde 2003 (MAPA, 2003), a elevada frequência de resistência observada em 90/96 (93,8%) isolados de *S. enterica* e 144/182 (79,1%) isolados de *E. coli* demonstra a preocupante persistência de genes de resistência no ambiente de produção animal.

Essa manutenção pode ocorrer devido a co-resistência entre antimicrobianos, nos quais os genes de resistência ao cloranfenicol podem ser mantidos em elementos genéticos móveis e conferir resistência a outros antimicrobianos (Zhao et al., 2024). Esta co-resistência já foi evidenciada em estudos que demonstraram a presença de genes de resistência ao cloranfenicol em plasmídeos que estavam ligados aos genes de resistência a sulfametoxazol e tetraciclina, antibióticos comumente usados para tratamento de suínos (Bischoff et al., 2005; Zhao et al., 2024). A resistência cruzada também pode causar resistência ao cloranfenicol, neste caso o uso de antimicrobianos da mesma classe e com mesmo mecanismo de ação pode resultar em resistência para ambos, conforme relatado em estudos que associam o uso de florfenicol, derivado do cloranfenicol exclusivo para animais, a manutenção de resistência ao cloranfenicol (Sampaio et al., 2024; Schwarz et al., 2004). A presença destes mecanismos de disseminação de resistência citados reforça a necessidade de implementação e aprimoramento contínuo de medidas de biossegurança, gestão sanitária dos rebanhos e de limpeza e desinfecção das instalações, para evitar a disseminação de bactérias resistentes e evitar o uso contínuo de antimicrobianos (Scollo et al., 2023).

A figura 1 demonstra as frequências de resistência completa entre os isolados de *S. enterica* e *E. coli* para os 18 antibióticos testados, em que se observa alta

resistência a amoxicilina, ampicilina, tetraciclina e cloranfenicol em ambos e maior variação em resistência para sulfametoxazol + trimetoprima, enrofloxacina, norfloxacina e ciprofloxacina, com *E. coli* apresentando maior resistência nestes antibióticos. Em relação a classe dos betalactâmicos dos grupos cefalosporinas de segunda a quarta geração, carbapenêmicos e classe dos macrolídeos as frequências de resistência foram baixas tanto em *S. enterica* quanto *E. coli*.

Figura 1. Frequências de resistência completa dos isolados de *S. enterica* e *E. coli* para os 18 antibióticos testados.

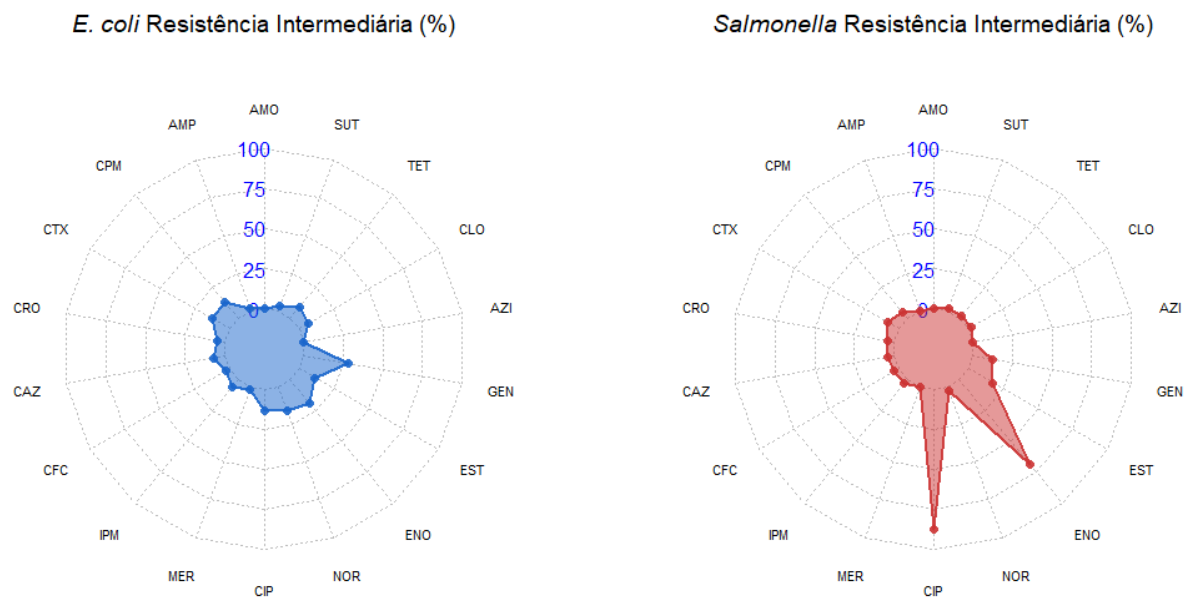


Fonte: elaborado pelo próprio autor.

A figura 2 demonstra as frequências de resistência intermediária entre os isolados de *S. enterica* e *E. coli* para os 18 antibióticos testados, com frequências mais altas de resistência intermediária a ciprofloxacina e enrofloxacina em isolados de *S. enterica* quando comparado a *E. coli*. A elevada resistência intermediária para estes antibióticos em *S. enterica* pode indicar o desenvolvimento do processo de resistência completa através de mutações genômicas ou ativação de outros mecanismos, como as bombas de efluxo. Estas condições podem favorecer a expressão destas características de alta resistência de forma gradual ou direta por meio da pressão seletiva exercida pelo uso destes antibióticos nas granjas de suínos (Iglér et al., 2021). Em *E. coli*, a resistência completa a ciprofloxacina e enrofloxacina já apresentou maior

frequência. Para os demais antibióticos tanto em *S. enterica* quanto *E. coli* os níveis foram similares.

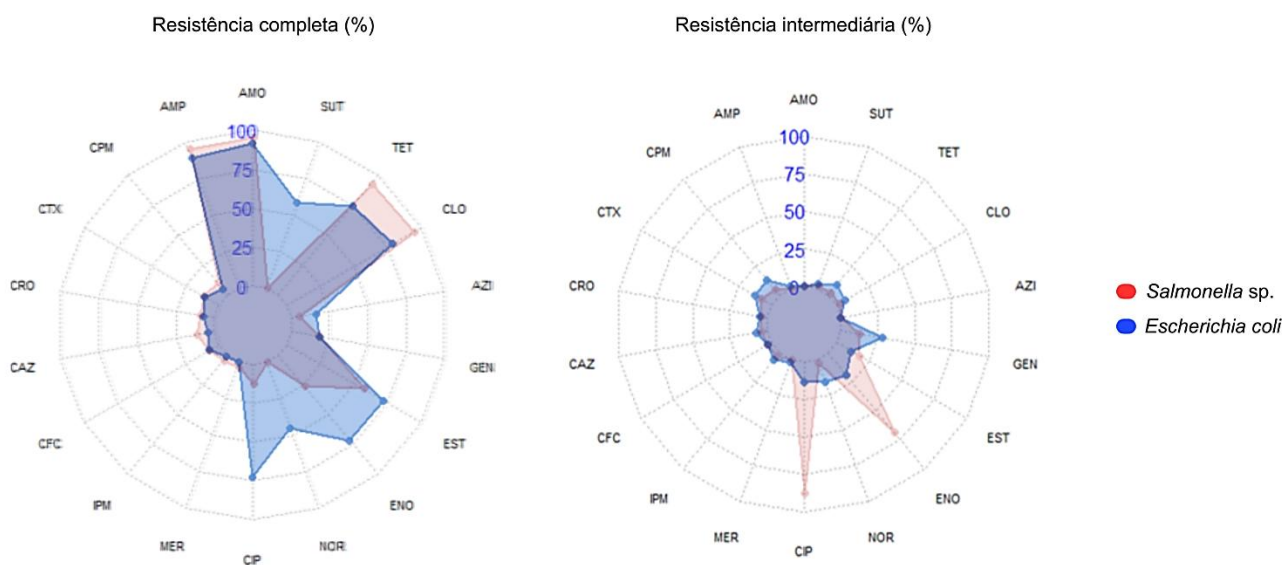
Figura 2. Frequências de resistência intermediária dos isolados de *S. enterica* e *E. coli* para os 18 antibióticos testados.



Fonte: elaborado pelo próprio autor.

A sobreposição dos gráficos que representam os perfis de resistência completa e intermediária de *Salmonella* sp. e *E. coli* (figura 3) demonstra a similaridade entre as frequências de resistência, o que pode indicar *E. coli* como uma possível bactéria sentinela para o perfil de resistência de *Salmonella* sp.

Figura 3. Sobreposição dos perfis de resistência completa e intermediária de *Salmonella* sp. e *E. coli* aos 18 antibióticos testados.



Fonte: elaborado pelo próprio autor.

Os isolados classificados como EPEC ($n = 3$), apresentaram alta resistência a múltiplas classes antimicrobianas, conforme demonstrado na tabela 9. Este padrão de ampla resistência também foi observado nos isolados de *E. coli* genéricas, demonstrando a disseminação de resistência antimicrobiana entre a maioria dos isolados avaliados. *E. coli* patogênicas tem importância global como um dos principais patógenos de origem alimentar, amplamente associada a surtos alimentares (EFSA, 2024b). Porém, *E. coli* não patogênicas também podem representar um risco a Saúde Pública, pois tendem a abrigar mais genes de resistência antimicrobiana do que cepas patogênicas, dessa forma representam um risco maior como reservatório por persistirem no hospedeiro sem causar doença, aumentando as possibilidades de transferência de genes (Siddi et al., 2025).

Tabela 9. Resultados de resistência antimicrobiana em 3 isolados de EPEC obtidos em amostras de fezes em um frigorífico de suínos.

Lote	Amostra	Origem	Betalactâmicos										Quinolonas			Aminoglicosí-		Macrolídeos	Anfencóis	Tetraciclina	Sulfonamidas	ESBL
			AMO	AMP	CPM	CTX	CRO	CAZ	CFC	IPM	MER	CIP	NOR	ENO	EST	GEN	AZI	CLO	TET	SUT		
1	4	Fezes	R	R	S	IR	S	S	S	S	S	R	R	R	R	IR	R	R	R	R	Negativo	
4	33	Fezes	R	IR	S	IR	S	S	S	R	S	R	R	R	R	R	S	S	R	S	Negativo	
4	33	Fezes	R	R	S	IR	S	S	S	S	S	R	IR	R	R	IR	S	S	R	S	Negativo	

*R: Resistente; IR: Intermediário; S: Sensível.

Fonte: elaborado pelo próprio autor.

A partir da seleção de isolados com resistência fenotípica a uma ou mais cefalosporinas de terceira e quarta geração foi realizada a pesquisa de *S. enterica* e *E. coli* produtores de ESBL. Em *S. enterica*, foram testados 23 isolados e não houve positividade. Em *E. coli*, foram testados 50 isolados e 8/50 (16%) produziram ESBL, considerando o número total de *E. coli* em que se avaliou resistência antimicrobiana a frequência foi de 8/182 (4,4%) (tabela 10). Essas enzimas são capazes de conferir resistência a cefalosporinas de terceira geração, como cefotaxima, ceftriaxona e ceftazidima, e de quarta geração, como cefepima, o que reduz drasticamente as opções terapêuticas em infecções graves (Chetri, 2025). A detecção de cepas produtoras de ESBL em animais destinados ao consumo humano reforça o risco de transferência de genes de resistência para a microbiota humana, especialmente através de alimentos (Damianos et al., 2025).

A coexistência de genes ESBL e ARGs para aminoglicosídeos em elementos genéticos móveis é relatada por diversos estudos, demonstrando uma associação de resistência a duas classes de antimicrobianos que consequentemente irão favorecer o surgimento de bactérias multirresistentes, sendo o cenário ainda mais agravado em bactérias produtoras de carbapenemases em associação, por inibir também os

carbapenêmicos de uso prioritariamente destinado para tratamentos de bactérias multirresistentes (Ayad et al., 2016; Bodendoerfer et al., 2020).

A detecção de ESBL em Enterobacteriaceae isolada de suínos é amplamente monitorada e estudos demonstram positividade variada em seus resultados, o que evidencia a capacidade destas bactérias em adquirir genes ESBL e servir como reservatório para estes genes de alto risco. No estudo de meta-análise de Damianos et al. (2025) conduzido na Europa, a frequência *E. coli* produtores de ESBL foi de 3%. No estudo de meta-análise de Olaitan et al. (2025) conduzido na África, foi identificado frequência de 20,8%. Em um estudo conduzido na Tailândia por Mitsuwan et al. (2023), foi observado frequência de 18,9%.

Tabela 10. Resultados de resistência antimicrobiana em 8 isolados de *E. coli* produtor de ESBL obtidos em amostras de fezes coletas em frigorífico de suínos.

Lote	Amostra	Origem	Betalactâmicos										Quinolonas			Aminoglicosí-		Macrolídeos	Anfenicóis	Tetraciclínas	Sulfonamidas	ESBL
			AMO	AMP	CPM	CTX	CRO	CAZ	CFC	IPM	MER	CIP	NOR	ENO	EST	GEN	AZI	CLO	TET	SUT		
2	17	Fezes	R	R	R	R	R	R	R	S	S	R	R	R	R	S	S	R	IR	R	Positivo	
6	54	Fezes	R	R	R	R	R	IR	R	S	S	R	R	R	S	R	S	R	IR	S	Positivo	
6	54	Fezes	R	R	R	R	R	IR	R	S	S	R	IR	R	R	S	S	R	IR	S	Positivo	
6	55	Fezes	R	R	IR	R	R	R	R	S	S	R	IR	R	S	S	S	R	IR	S	Positivo	
6	60	Fezes	R	R	R	R	R	IR	R	S	S	R	IR	R	R	S	S	R	IR	S	Positivo	
7	62	Fezes	R	R	IR	R	R	IR	R	S	S	R	IR	R	S	S	S	R	IR	S	Positivo	
7	68	Fezes	R	R	R	R	R	R	R	S	S	R	R	R	S	S	S	S	R	S	Positivo	
8	72	Fezes	R	R	IR	R	R	IR	R	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S	S	Positivo	

*R: Resistente; IR: Intermediário; S: Sensível.

Fonte: elaborado pelo próprio autor.

A presença de isolados resistentes a três classes ou mais, foi amplamente identificada no nosso estudo. Considerando *S. enterica* de fezes e linfonodos, 88/96 (91,7%) isolados foram classificados como MDR. Desse total, *S. enterica* proveniente de linfonodos apresentaram 74/81 (91,4%) e *S. enterica* de fezes apresentaram 14/15 (93,3%) isolados MDR. O perfil de resistência mais frequente em *S. enterica* foi: AMO-

AMP-EST-CLO-TET, demonstrando resistência a quatro das sete classes avaliadas (betalactâmicos, aminoglicosídeos, anfenicóis e tetraciclinas). Apenas dois isolados de *S. enterica* foram susceptíveis a todos os antimicrobianos testados (tabela 11).

Em relação aos isolados *E. coli* avaliados neste estudo, 173/182 (95,0%) foram classificados como MDR, sendo o perfil de resistência mais frequente a combinação AMO-AMP-CIP-NOR-ENO-EST-CLO-TET-SUT, que representa resistência a seis das sete classes avaliadas (betalactâmicos, quinolonas, aminoglicosídeos, anfenicóis, tetraciclinas e sulfonamidas). Apenas um isolado de *E. coli* foi susceptível a todos os antimicrobianos testados (tabela 12).

Os três isolados de EPEC também foram classificados como MDR e entre os oito isolados de *E. coli* produtores de ESBL apenas um isolado não foi classificado como MDR. Estes altos índices de resistência a múltiplas drogas são demonstrados em diversos estudos nacionais e internacionais com frequência média acima de 80% e representam uma grande ameaça a saúde pública devido a capacidade de transmissão destes ARGs para a microbiota dos humanos ou pelo potencial zoonótico destas bactérias com opções terapêuticas limitadas, conforme discutido neste estudo e demais trabalhos citados (Pellegrini et al., 2025; Possebon et al., 2020; Sampaio et al., 2024; Viana et al., 2019; Z. Wang et al., 2022; Yang et al., 2025).

Tabela 11. 10 principais perfis de resistência em *S. enterica* e isolados susceptíveis a todos os antibióticos.

Perfis - Resistência (ATB)	Nº de ATBs	Nº de classes	Nº de isolados <i>S. enterica</i>
AMO-AMP-EST-CLO-TET	5	4	27
AMO-AMP-CLO-TET	4	3	23
AMO-AMP-CIP-ENO-EST-GEN-CLO-TET	8	5	6
AMO-AMP-ENO-CLO-TET	5	4	3
AMO-AMP-ENO-EST-CLO-TET	6	5	2
AMO-AMP-CPM-CTX-CRO-CAZ-CFC-IPM-EST-AZI-CLO-TET	12	5	1
AMO-AMP-CRO-IPM-MER-CIP-ENO-EST-GEN-AZI-CLO-TET	12	6	1
AMO-AMP-CPM-CRO-CFC-CIP-ENO-EST-GEN-CLO-TET	11	5	1
AMO-AMP-CPM-CTX-CRO-CAZ-CFC-IPM-ENO-CLO-TET	11	4	1
AMO-AMP-CPM-CTX-CRO-CAZ-CIP-ENO-GEN-CLO-TET	11	5	1
SUSCEPTÍVEIS	0	0	2

Fonte: elaborado pelo próprio autor.

Tabela 12. 10 principais perfis de resistência em *E. coli* e isolados susceptíveis a todos os antibióticos.

Perfis - Resistência (ATB)	Nº de ATBs	Nº de classes	Nº de isolados <i>E. coli</i>
AMO-AMP-CIP-NOR-ENO-EST-CLO-TET-SUT	9	6	18
AMO-AMP-CIP-NOR-ENO-EST-CLO-TET	8	5	9
AMO-AMP-CIP-ENO-EST-GEN-CLO-TET-SUT	9	6	7
AMO-AMP-CLO-TET	4	3	6
AMO-AMP-CIP-NOR-ENO-EST-AZI-CLO-TET-SUT	10	7	5
AMO-AMP-CIP-NOR-ENO-EST-GEN-CLO-TET-SUT	10	6	5
AMO-AMP-CIP-ENO-EST-CLO-TET-SUT	8	6	5
AMO-AMP-EST-CLO-TET-SUT	6	5	5
AMO-AMP-CIP-NOR-ENO-CLO-TET-SUT	8	5	3
AMO-AMP-CIP-ENO-EST-TET	6	4	3
SUSCEPTÍVEIS	0	0	1

Fonte: elaborado pelo próprio autor.

6 CONCLUSÕES

Altas frequências de resistência antimicrobiana foram observadas nos isolados de *S. enterica*, em que se identificou os sorovares Panama, Typhimurium variante monofásica e Minnessota, e em *E. coli*, em que se identificou o patotipo EPEC. A resistência aos antimicrobianos das classes betalactâmicos de primeira geração (amoxicilina e ampicilina), tetraciclina (tetraciclina) e anfenicóis (cloranfenicol) tiveram destaque, o que pode refletir o uso intenso destes fármacos ou de outros que podem conferir co-resistência ou resistência cruzada aos antibióticos avaliados. Este alto padrão de resistência identificado pode representar um risco, devido a seleção dos mesmos genes de resistência em animais e humanos, e com isso propiciar falhas na ação dos antibióticos em tratamentos clínicos. Além disso, a identificação de *E. coli* produtores de ESBL representam um risco elevado por serem resistentes à medicamentos utilizados em infecções por bactérias MDR. Neste mesmo sentido, a ampla classificação dos isolados como MDR é preocupante, indicando a importância do monitoramento constante e das pesquisas relacionadas à cadeia de produção suína.

7 REFERÊNCIAS

- ABCS. (2024). *Retrato da Suinocultura Brasileira*. Disponível em: <https://abcs.org.br/wp-content/uploads/2024/04/Retrato-da-Suinocultura-2024-Web.pdf>. Acesso em: 18/08/2025.
- Abdel-Kadhim Jawad, A., & Al-Charrakh, A. H. (2015). Outer Membrane Protein C (ompC) Gene as the Target for Diagnosis of Salmonella Species Isolated from Human and Animal Sources. Em *Avicenna Journal of Medical Biotechnology* (Vol. 8, Número 1). Disponível em: <https://doi.org/https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC4717466/>. Acesso em: 18/08/2025.
- ABPA. (2025). *Relatório Anual 2025*. Disponível em: <https://abpa-br.org/wp-content/uploads/2025/04/ABPA.-Relatorio-Anual-2025.pdf>. Acesso em: 18/08/2025.
- Afolami, O. I., & Onifade, A. K. (2018). Antibiotic Resistant Salmonella spp: Mechanism of Drug Resistance, Gene Variations and Clinical Implications. *Asian Journal of Research in Medical and Pharmaceutical Sciences*, 4(4), 1–6. Disponível em: <https://doi.org/10.9734/ajrimps/2018/35958>. Acesso em: 18/08/2025.
- Alarcón, L. V., Allepuz, A., & Mateu, E. (2021). Correction to: Biosecurity in pig farms: a review. *Porcine Health Management*, 7(1), 24. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/s40813-021-00202-5>. Acesso em: 18/08/2025.
- Alvarez, J., Sota, M., Vivanco, A. B., Perales, I., Cisterna, R., Rementeria, A., & Garaizar, J. (2004). Development of a Multiplex PCR Technique for Detection and Epidemiological Typing of Salmonella in Human Clinical Samples. *Journal of Clinical Microbiology*, 42(4), 1734–1738. Disponível em: <https://doi.org/10.1128/JCM.42.4.1734-1738.2004>. Acesso em: 18/08/2025.

- Andres, V. M., & Davies, R. H. (2015). Biosecurity Measures to Control Salmonella and Other Infectious Agents in Pig Farms: A Review. *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety*, 14(4), 317–335. Disponível em: <https://doi.org/10.1111/1541-4337.12137>. Acesso em: 18/08/2025.
- Anjum, M. F., Schmitt, H., Börjesson, S., Berendonk, T. U., Donner, E., Stehling, E. G., Boerlin, P., Topp, E., Jardine, C., Li, X., Li, B., Dolejska, M., Madec, J.-Y., Dagot, C., Guenther, S., Walsh, F., Villa, L., Veldman, K., Sunde, M., ... Pedersen, K. (2021). The potential of using *E. coli* as an indicator for the surveillance of antimicrobial resistance (AMR) in the environment. *Current Opinion in Microbiology*, 64, 152–158. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.mib.2021.09.011>. Acesso em: 18/08/2025.
- Aranda, K. R. S., Fagundes-Neto, U., & Scaletsky, I. C. A. (2004). Evaluation of multiplex PCRs for diagnosis of infection with diarrheagenic *Escherichia coli* and *Shigella* spp. *Journal of Clinical Microbiology*, 42(12), 5849–5853. Disponível em: <https://doi.org/10.1128/JCM.42.12.5849-5853.2004>. Acesso em: 18/08/2025.
- Arnedo-Pena, A., Sabater-Vidal, S., Herrera-León, S., Bellido-Blasco, J. B., Silvestre-Silvestre, E., Meseguer-Ferrer, N., Yague-Muñoz, A., Gil-Fortuño, M., Romeu-García, A., & Moreno-Muñoz, R. (2016). An outbreak of monophasic and biphasic *Salmonella* Typhimurium, and *Salmonella* Derby associated with the consumption of dried pork sausage in Castellon (Spain). *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*, 34(9), 544–550. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.eimc.2015.11.016>. Acesso em: 18/08/2025.
- Ayad, A., Drissi, M., de Curraize, C., Dupont, C., Hartmann, A., Solanas, S., Siebor, E., Amoureux, L., & Neuwirth, C. (2016). Occurrence of *ArmA* and *RmtB* aminoglycoside resistance 16S rRNA methylases in extended-spectrum β -lactamases producing *Escherichia coli* in Algerian hospitals. *Frontiers in Microbiology*, 7(SEP). Disponível em: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2016.01409>. Acesso em: 18/08/2025.

Ballow, C. H., & Amsden, G. W. (1992). Azithromycin: The First Azalide Antibiotic. *Annals of Pharmacotherapy*, 26(10), 1253–1261. Disponível em: <https://doi.org/10.1177/106002809202601014>. Acesso em: 18/08/2025.

Barcellos, D., & Guedes, R. M. C. (Orgs.). (2022). *Doenças dos Suínos* (3º ed). Roca.

Bauer, A. W., Kirby, W. M. M., Sherris, J. C., & Turck, M. (1966). *TECHNICAL SECTION ANTIBIOTIC SUSCEPTIBILITY TESTING BY A STANDARDIZED SINGLE DISK METHOD* (Vol. 45, Número 4). Disponível em: https://academic.oup.com/ajcp/article-abstract/45/4_ts/493/4821085. Acesso em: 18/08/2025.

Bessa, M. C., Costa, M. de, & Cardoso, M. (2004). Prevalência de Salmonella sp. em suínos abatidos em frigoríficos do Rio Grande do Sul. *Pesquisa Veterinária Brasileira*, 80–84. Disponível em: <https://doi.org/https://doi.org/10.1590/S0100-736X2004000200006>. Acesso em: 18/08/2025.

Biasino, W., De Zutter, L., Mattheus, W., Bertrand, S., Uyttendaele, M., & Van Damme, I. (2018). Correlation between slaughter practices and the distribution of Salmonella and hygiene indicator bacteria on pig carcasses during slaughter. *Food Microbiology*, 70, 192–199. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.fm.2017.10.003>. Acesso em: 18/08/2025.

Bischoff, K. M., White, D. G., Hume, M. E., Poole, T. L., & Nisbet, D. J. (2005). The chloramphenicol resistance gene *cmlA* is disseminated on transferable plasmids that confer multiple-drug resistance in swine Escherichia coli. *FEMS Microbiology Letters*, 243(1), 285–291. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.femsle.2004.12.017>. Acesso em: 18/08/2025.

Blair, J. M. A., Webber, M. A., Baylay, A. J., Ogbolu, D. O., & Piddock, L. J. V. (2015). Molecular mechanisms of antibiotic resistance. *Nature Reviews Microbiology*, 13(1), 42–51. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/nrmicro3380>. Acesso em: 18/08/2025.

- Bodendoerfer, E., Marchesi, M., Imkamp, F., Courvalin, P., Böttger, E. C., & Mancini, S. (2020). Co-occurrence of aminoglycoside and β -lactam resistance mechanisms in aminoglycoside- non-susceptible *Escherichia coli* isolated in the Zurich area, Switzerland. *International Journal of Antimicrobial Agents*, 56(1). Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.ijantimicag.2020.106019>. Acesso em: 18/08/2025.
- Bonardi, S., Alpigiani, I., Bruini, I., Barilli, E., Brindani, F., Morganti, M., Cavallini, P., Bolzoni, L., & Pongolini, S. (2016). Detection of *Salmonella enterica* in pigs at slaughter and comparison with human isolates in Italy. *International Journal of Food Microbiology*, 218, 44–50. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2015.11.005>. Acesso em: 18/08/2025.
- Bone, A., Noel, H., Le Hello, S., Pihier, N., Danan, C., Raguenaud, M. E., Salah, S., Bellali, H., Vaillant, V., Weill, F. X., & Jourdan-da Silva, N. (2010). Nationwide outbreak of *Salmonella enterica* serotype 4,12:i:- infections in France, linked to dried pork sausage, March-May 2010. *Eurosurveillance*, 15(24). Disponível em: <https://doi.org/10.2807/ese.15.24.19592-en>. Acesso em: 18/08/2025.
- Borges, C. A. (2011). *Detecção de Escherichia coli shigatoxigênica (STEC) e enteropatogênica (EPEC) em carcaças e fezes de suínos abatidos na região de Ribeirão Preto-SP e perfil de susceptibilidade dos isolados frente a diferentes antimicrobianos* [Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP. Campus de Jaboticabal]. Disponível em: <https://repositorio.unesp.br/server/api/core/bitstreams/0038fe99-6aad-4af0-a1ca-a9953487eded/content>. Acesso em: 18/08/2025.
- Buzby, J. C., & Roberts, T. (2009). The Economics of Enteric Infections: Human Foodborne Disease Costs. *Gastroenterology*, 136(6), 1851–1862. Disponível em: <https://doi.org/10.1053/j.gastro.2009.01.074>. Acesso em: 18/08/2025.

- Cabezón, E., Ripoll-Rozada, J., Peña, A., de la Cruz, F., & Arechaga, I. (2014). Towards an integrated model of bacterial conjugation. *FEMS Microbiology Reviews*, 81–95. Disponível em: <https://doi.org/10.1111/1574-6976.12085>. Acesso em: 18/08/2025.
- Cavalheiro, L. G., Gené, L. A., Coldebella, A., Kich, J. D., & Ruiz, V. L. de A. (2022). Microbiological Quality of Pig Carcasses in a Slaughterhouse under Risk-Based Inspection System. *Foods*, 11(24). Disponível em: <https://doi.org/10.3390/foods11243986>. Acesso em: 18/08/2025.
- Chetri, S. (2025). Escherichia coli: An arduous voyage from commensal to Antibiotic-resistance. *Microbial Pathogenesis*, 198. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.micpath.2024.107173>. Acesso em: 18/08/2025.
- Chiang, Y. N., Penadés, J. R., & Chen, J. (2019). Genetic transduction by phages and chromosomal islands: The new and noncanonical. *PLOS Pathogens*, 15(8), e1007878. Disponível em: <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1007878>. Acesso em: 18/08/2025.
- Cho, H., Kim, Y., Hassan, A., & Park, K. T. (2025). Whole-genome sequence-based comparison of antimicrobial resistant diarrheagenic Escherichia coli in pork and chicken production chains in Korea. *International Journal of Food Microbiology*, 431. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2025.111085>. Acesso em: 18/08/2025.
- CLSI. (2024a). *Performance standards for antimicrobial disk and dilution susceptibility tests for bacteria isolated from animals. VET01S*. Disponível em: <https://clsi.org/shop/standards/vet01s/>. Acesso em: 18/08/2025.
- CLSI. (2024b). *Performance standards for antimicrobial susceptibility testing. M100*. Disponível em: <https://clsi.org/shop/standards/m100/>. Acesso em: 18/08/2025.

- Coburn, B., Grassl, G. A., & Finlay, B. B. (2007). *Salmonella*, the host and disease: a brief review. *Immunology & Cell Biology*, 85(2), 112–118. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/sj.icb.7100007>. Acesso em: 18/08/2025.
- Coelho, M. M. S., Davanzo, E. F. A., dos Santos, R. L., Castro, V. H. de L., da Costa, H. M. B., Dallago, B. S. L., Perecmanis, S., & Santana, A. P. (2024). Escherichia coli and Enterobacteriaceae Counts, Virulence Gene Profile, Antimicrobial Resistance, and Biofilm Formation Capacity during Pig Slaughter Stages. *Life*, 14(10). Disponível em: <https://doi.org/10.3390/life14101261>. Acesso em: 18/08/2025.
- Costa, L. R. M., Garcez Buiatte, A. B., da Cunha Dias, S., Garcia, L. N. H., Cossi, M. V. C., Yamatogi, R. S., Nero, L. A., & Pereira, J. G. (2024). Influence of animal production systems on the presence of pathogenic strains of Escherichia coli in the bovine production chain. *Food Control*, 157. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2023.110155>. Acesso em: 18/08/2025.
- Damianos, A., Tsiotsos, A., Economou, V., Gioula, G., & Haidich, A. B. (2025, maio 1). Systematic review and meta-analysis of the occurrence of ESBL-producing Escherichia coli and Salmonella spp. in foods of animal origin in Europe. *Food Control*, 171. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2024.111127>. Acesso em: 18/08/2025.
- De Azevedo, E. C., Martins, B. T. F., Tiba Casas, M. R., Possebon, F. S., Araújo Junior, J. P., Nero, L. A., & Yamatogi, R. S. (2021). Multidrug Resistance and Virulence Profiles of Salmonella Isolated from Swine Lymph Nodes. *Microbial Drug Resistance*, 27(4), 562–570. Disponível em: <https://doi.org/10.1089/mdr.2020.0120>. Acesso em: 18/08/2025.
- de Freitas Costa, E., Cardoso, M., Kich, J. D., & Corbellini, L. G. (2020). A qualitative risk assessment approach to microbial foodborne hazards in Brazilian intensive pork production: A step towards risk prioritization. *Microbial Risk Analysis*, 15. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.mran.2020.100105>. Acesso em: 18/08/2025.

- De Medici, D., Croci, L., Delibato, E., Di Pasquale, S., Filetici, E., & Toti, L. (2003). Evaluation of DNA extraction methods for use in combination with SYBR green I real-time PCR to detect *Salmonella enterica* serotype Enteritidis in poultry. *Applied and Environmental Microbiology*, 69(6), 3456–3461. Disponível em: <https://doi.org/10.1128/AEM.69.6.3456-3461.2003>. Acesso em: 18/08/2025.
- De Rosa, M., Verdino, A., Soriente, A., & Marabotti, A. (2021). The Odd Couple(s): An Overview of Beta-Lactam Antibiotics Bearing More Than One Pharmacophoric Group. *International Journal of Molecular Sciences*, 22(2), 617. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/ijms22020617>. Acesso em: 18/08/2025.
- Deane, A., Murphy, D., Leonard, F. C., Byrne, W., Clegg, T., Madigan, G., Griffin, M., Egan, J., & Prendergast, D. M. (2022). Prevalence of *Salmonella* spp. in slaughter pigs and carcasses in Irish abattoirs and their antimicrobial resistance. *Irish Veterinary Journal*, 75(1), 4. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/s13620-022-00211-y>. Acesso em: 18/08/2025.
- EFSA. (2021). The European Union Summary Report on Antimicrobial Resistance in zoonotic and indicator bacteria from humans, animals and food in 2018/2019. *EFSA*, 19(4). Disponível em: <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2021.6490>. Acesso em: 18/08/2025.
- EFSA. (2024a). Antimicrobial consumption and resistance in bacteria from humans and food-producing animals. *EFSA*, 22(2). Disponível em: <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2024.8589>. Acesso em: 18/08/2025.
- EFSA. (2024b). The European Union One Health 2023 Zoonoses report. *EFSA Journal*, 22(12). Disponível em: <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2024.9106>. Acesso em: 18/08/2025.

EFSA/ECDC. (2023). The European Union One Health 2022 Zoonoses Report. *EFSA Journal*, 21(12). Disponível em: <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2023.8442>. Acesso em: 18/08/2025.

EUCAST. (2017). *EUCAST guidelines for detection of resistance mechanisms and specific resistances of clinical and/or epidemiological importance*. Disponível em: https://www.eucast.org/fileadmin/src/media/PDFs/EUCAST_files/Resistance_mechanisms/EUCAST_detection_of_resistance_mechanisms_170711.pdf. Acesso em: 18/08/2025.

Farha, M. A., Tu, M. M., & Brown, E. D. (2025). Important challenges to finding new leads for new antibiotics. *Current Opinion in Microbiology*, 83. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.mib.2024.102562>. Acesso em: 18/08/2025.

FDA. (2024). *Bacteriological Analytical Manual (BAM) Chapter 5 Salmonella - May 2024 Edition*. Disponível em: <https://www.fda.gov/media/178914/download?attachment>. Acesso em: 18/08/2025.

Ferrari, R. G., Rosario, D. K. A., Cunha-Neto, A., Mano, S. B., Figueiredo, E. E. S., & Conte-Juniora, C. A. (2019). Worldwide epidemiology of Salmonella serovars in animal-based foods: A meta-analysis. *Applied and Environmental Microbiology*, 85(14). Disponível em: <https://doi.org/10.1128/AEM.00591-19>. Acesso em: 18/08/2025.

Fosse, J., Seegers, H., & Magras, C. (2009). Prevalence and Risk Factors for Bacterial Food-Borne Zoonotic Hazards in Slaughter Pigs: A Review. *Zoonoses and Public Health*, 56(8), 429–454. Disponível em: <https://doi.org/10.1111/j.1863-2378.2008.01185.x>. Acesso em: 18/08/2025.

Francis, K. (2022). A Battle Between Pathogens and Medicinal Chemistry: Tetracycline Generations and the Evolution of Resistance Mechanisms. *Annals of Advanced*

Biomedical Sciences, 5(1). Disponível em: <https://doi.org/10.23880/aabsc-16000188>. Acesso em: 18/08/2025.

Friedman, N. D., Temkin, E., & Carmeli, Y. (2016). The negative impact of antibiotic resistance. *Clinical Microbiology and Infection*, 22(5), 416–422. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.cmi.2015.12.002>. Acesso em: 18/08/2025.

Fux, C. A., Costerton, J. W., Stewart, P. S., & Stoodley, P. (2005). Survival strategies of infectious biofilms. *Trends in Microbiology*, 13(1), 34–40. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.tim.2004.11.010>. Acesso em: 18/08/2025.

Garcia, S. N., Osburn, B. I., & Jay-Russell, M. T. (2020). One Health for Food Safety, Food Security, and Sustainable Food Production. *Frontiers in Sustainable Food Systems*, 4. Disponível em: <https://doi.org/10.3389/fsufs.2020.00001>. Acesso em: 18/08/2025.

Garrido, V., Sánchez, S., San Román, B., Fraile, L., Migura-García, L., & Grilló, M.-J. (2020). *Salmonella* Infection in Mesenteric Lymph Nodes of Breeding Sows. *Foodborne Pathogens and Disease*, 17(6), 411–417. Disponível em: <https://doi.org/10.1089/fpd.2019.2708>. Acesso em: 18/08/2025.

Ghafir, Y., China, B., Dierick, K., De Zutter, L., & Daube, A. G. (2008). Hygiene Indicator Microorganisms for Selected Pathogens on Beef, Pork, and Poultry Meats in Belgium. *Journal of Food Protection*, 71(1), 35–45. Disponível em: <https://doi.org/https://doi.org/10.4315/0362-028X-71.1.35>. Acesso em: 18/08/2025.

Gill, S., Catchpole, R., & Forterre, P. (2019). Extracellular membrane vesicles in the three domains of life and beyond. *FEMS Microbiology Reviews*, 43(3), 273–303. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/femsre/fuy042>. Acesso em: 18/08/2025.

- Gomes, T. A. T., Elias, W. P., Scaletsky, I. C. A., Guth, B. E. C., Rodrigues, J. F., Piazza, R. M. F., Ferreira, L. C. S., & Martinez, M. B. (2016). Diarrheogenic *Escherichia coli*. *Brazilian Journal of Microbiology*, 47, 3–30. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.bjm.2016.10.015>. Acesso em: 18/08/2025.
- Gonçalves, C., Silveira, L., Rodrigues, J., Furtado, R., Ramos, S., Nunes, A., & Pista, Â. (2024). Phenotypic and Genotypic Characterization of *Escherichia coli* and *Salmonella* spp. Isolates from Pigs at Slaughterhouse and from Commercial Pork Meat in Portugal. *Antibiotics*, 13(10). Disponível em: <https://doi.org/10.3390/antibiotics13100957>. Acesso em: 18/08/2025.
- Grimont, P. A. D., & Weill, F.-X. (2007). *WHO Collaborating Centre for Reference and Research on Salmonella ANTIGENIC FORMULAE OF THE SALMONELLA SEROVARS 2007 9th edition*. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/283428414_Antigenic_Formulae_of_the_Salmonella_serovars_9th_ed_Paris_WHO_Collaborating_Centre_for_Reference_and_Research_on_Salmonella. Acesso em: 18/08/2025.
- Haber Garcia, L. N., da Cunha Dias, S., Costa, L. R. M., de Melo Tavares, R., da Silva Rodrigues, R., Tiba-Casas, M. R., Cossi, M. V. C., Nero, L. A., & Yamatogi, R. S. (2025). Cross-contamination and antimicrobial resistance in diarrheogenic *Escherichia coli* and *Salmonella* spp. from a mixed bovine and swine slaughterhouse. *Food Control*, 176. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2025.111406>. Acesso em: 18/08/2025.
- Haque, M., Bosilevac, J. M., & Chaves, B. D. (2022). A review of Shiga-toxin producing *Escherichia coli* (STEC) contamination in the raw pork production chain. *International Journal of Food Microbiology*, 377. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2022.109832>. Acesso em: 18/08/2025.
- Harvey, R. B., Norman, K. N., Anderson, R. C., & Nisbet, D. J. (2020). A Preliminary Study on the Presence of *Salmonella* in Lymph Nodes of Sows at Processing Plants in the United

- States. *Microorganisms*, 8(10), 1602. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/microorganisms8101602>. Acesso em: 18/08/2025.
- Hassanein, M. M. (2019). Sulfonamides: far from obsolete. *International Journal of Contemporary Pediatrics*, 6(6), 2740. Disponível em: <https://doi.org/10.18203/2349-3291.ijcp20194768>. Acesso em: 18/08/2025.
- Helmuth, I. G., Espenhain, L., Ethelberg, S., Jensen, T., Kjeldgaard, J., Litrup, E., Schjørring, S., & Müller, L. (2019). An outbreak of monophasic *Salmonella* Typhimurium associated with raw pork sausage and other pork products, Denmark 2018–19. *Epidemiology and Infection*, 147, e315. Disponível em: <https://doi.org/10.1017/S0950268819002073>. Acesso em: 18/08/2025.
- Hotes, S., Traulsen, I., & Krieter, J. (2012). An individual-based model for Salmonella transmission along the pig production chain. *Copernicus Publications*, 48–63. Disponível em: <https://doi.org/https://doi.org/10.5194/aab-55-48-2012>. Acesso em: 18/08/2025.
- Igler, C., Rolff, J., & Regoes, R. (2021). Multi-step vs. single-step resistance evolution under different drugs, pharmacokinetics, and treatment regimens. *eLife*, 10. Disponível em: <https://doi.org/10.7554/eLife.64116>. Acesso em: 18/08/2025.
- Issenhuth-Jeanjean, S., Roggentin, P., Mikoleit, M., Guibourdenche, M., de Pinna, E., Nair, S., Fields, P. I., & Weill, F.-X. (2014). Supplement 2008–2010 (no. 48) to the White–Kauffmann–Le Minor scheme. *Research in Microbiology*, 165(7), 526–530. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.resmic.2014.07.004>. Acesso em: 18/08/2025.
- Jian, Z., Zeng, L., Xu, T., Sun, S., Yan, S., Yang, L., Huang, Y., Jia, J., & Dou, T. (2021). Antibiotic resistance genes in bacteria: Occurrence, spread, and control. *Journal of Basic Microbiology*, 61(12), 1049–1070. Disponível em: <https://doi.org/10.1002/jobm.202100201>. Acesso em: 18/08/2025.

Johnston, C., Martin, B., Fichant, G., Polard, P., & Claverys, J.-P. (2014). Bacterial transformation: distribution, shared mechanisms and divergent control. *Nature Reviews Microbiology*, 12(3), 181–196. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/nrmicro3199>. Acesso em: 18/08/2025.

Kasimanickam, V., Kasimanickam, M., & Kasimanickam, R. (2021). Antibiotics Use in Food Animal Production: Escalation of Antimicrobial Resistance: Where Are We Now in Combating AMR? *Medical Sciences*, 9(1), 14. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/medsci9010014>. Acesso em: 18/08/2025.

Kich, J. D., Carlos, J., Vilas, P., & Souza, B. (2015). *Salmonela na suinocultura brasileira: do problema ao controle* Editores Técnicos. Disponível em: <https://www.embrapa.br/documents/1355242/0/Salmonela+na+suinocultura+brasileira+-+Do+problema+ao+controle.pdf>. Acesso em: 18/08/2025.

Kich, J. D., Coldebella, A., Morés, N., Nogueira, M. G., Cardoso, M., Fratamico, P. M., Call, J. E., Fedorka-Cray, P., & Luchansky, J. B. (2011). Prevalence, distribution, and molecular characterization of Salmonella recovered from swine finishing herds and a slaughter facility in Santa Catarina, Brazil. *International Journal of Food Microbiology*, 151(3), 307–313. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2011.09.024>. Acesso em: 18/08/2025.

Kich, J. D., Mores, N., Piffer, I. A., Coldebella, A., Amaral, A., Ramminger, L., & Cardoso, M. (2005). Fatores associados à soroprevalência de Salmonella em rebanhos comerciais de suínos. *Ciência Rural*, 35(2), 398–405. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/S0103-84782005000200024>. Acesso em: 18/08/2025.

Kipper, D., Carroll, L. M., Mascitti, A. K., Streck, A. F., Fonseca, A. S. K., Ikuta, N., & Lunge, V. R. (2020). Genomic Characterization of Salmonella Minnesota Clonal Lineages

Associated with Poultry Production in Brazil. *Animals*, 10(11), 2043. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/ani10112043>. Acesso em: 18/08/2025.

Krüger, G. I., Pardo-Esté, C., Zepeda, P., Olivares-Pacheco, J., Galleguillos, N., Suarez, M., Castro-Severyn, J., Alvarez-Thon, L., Tello, M., Valdes, J. H., & Saavedra, C. P. (2023). Mobile genetic elements drive the multidrug resistance and spread of Salmonella serotypes along a poultry meat production line. *Frontiers in Microbiology*, 14. Disponível em: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1072793>. Acesso em: 18/08/2025.

Kwang, J., Littledike, E. T., & Keen, J. E. (1996). Use of the polymerase chain reaction for Salmonella detection A primer set of oligonucleotides (S18 and. *Letters in Applied Microbiology*, 22, 46–51. Disponível em: <https://doi.org/https://doi.org/10.1111/j.1472-765X.1996.tb01106.x>. Acesso em: 18/08/2025.

Lencina, F. A., Bertona, M., Stegmayer, M. A., Olivero, C. R., Frizzo, L. S., Zimmermann, J. A., Signorini, M. L., Soto, L. P., & Zbrun, M. V. (2024). Prevalence of colistin-resistant Escherichia coli in foods and food-producing animals through the food chain: A worldwide systematic review and meta-analysis. *Heliyon*, 10(5). Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2024.e26579>. Acesso em: 18/08/2025.

Lumivero. (2024). *XLSTAT statistical software, version 2024.1*. Lumivero. Disponível em: <https://www.xlstat.com/>. Acesso em: 18/08/2025.

Magiorakos, A. P., Srinivasan, A., Carey, R. B., Carmeli, Y., Falagas, M. E., Giske, C. G., Harbarth, S., Hindler, J. F., Kahlmeter, G., Olsson-Liljequist, B., Paterson, D. L., Rice, L. B., Stelling, J., Struelens, M. J., Vatopoulos, A., Weber, J. T., & Monnet, D. L. (2012). Multidrug-resistant, extensively drug-resistant and pandrug-resistant bacteria: An international expert proposal for interim standard definitions for acquired resistance. *Clinical Microbiology and Infection*, 18(3), 268–281. Disponível em: <https://doi.org/10.1111/j.1469-0691.2011.03570.x>. Acesso em: 18/08/2025.

MAPA. (2003). Instrução Normativa 9/2003. Em MAPA. Disponível em: <https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/insumos-agropecuarios/insumos-pecuarios/alimentacao-animal/arquivos-alimentacao-animal/legislacao/instrucao-normativa-no-9-de-27-de-junho-de-2003.pdf>. Acesso em: 18/08/2025.

MAPA. (2018). *Instrução Normativa SDA/MAPA 60/2018*. Disponível em: https://wikisda.agricultura.gov.br/dipoa_baselegal/in_60-2018_ecoli_e_salmonella_pncp_su%C3%ADnos_bovinos.pdf. Acesso em: 18/08/2025.

MAPA. (2020). *RIISPOA. Regulamento de Inspeção Industrial e Sanitária de Produtos de Origem Animal*. Disponível em: <https://wp.ufpel.edu.br/inspleite/files/2020/10/RIISPOA-ALTERADO-E-ATUALIZADO-2020.pdf>. Acesso em: 18/08/2025.

McInnes, R. S., McCallum, G. E., Lamberte, L. E., & van Schaik, W. (2020). Horizontal transfer of antibiotic resistance genes in the human gut microbiome. *Current Opinion in Microbiology*, 53, 35–43. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.mib.2020.02.002>. Acesso em: 18/08/2025.

Mitsuwan, W., Intongead, S., Saengsawang, P., Romyasamit, C., Narinthorn, R., Nissapatorn, V., Pereira, M. de L., Paul, A. K., Wongtawan, T., & Boripun, R. (2023). Occurrence of multidrug resistance associated with extended-spectrum β -lactamase and the biofilm forming ability of *Escherichia coli* in environmental swine husbandry. *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases*, 103. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.cimid.2023.102093>. Acesso em: 18/08/2025.

Monte, D. F., Lincopan, N., Fedorka-Cray, P. J., & Landgraf, M. (2019). Current insights on high priority antibiotic-resistant *Salmonella enterica* in food and foodstuffs: a review. *Current Opinion in Food Science*, 26, 35–46. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.cofs.2019.03.004>. Acesso em: 18/08/2025.

- Moura, P., Sandberg, M., Høg, B. B., Niza-Ribeiro, J., Nielsen, E. O., & Alban, L. (2023). Characterisation of antimicrobial usage in Danish pigs in 2020. *Frontiers in Veterinary Science*, 10. Disponível em: <https://doi.org/10.3389/fvets.2023.1155811>. Acesso em: 18/08/2025.
- Mürmann, L., dos Santos, M. C., & Cardoso, M. (2009). Prevalence, genetic characterization and antimicrobial resistance of Salmonella isolated from fresh pork sausages in Porto Alegre, Brazil. *Food Control*, 20(3), 191–195. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2008.04.007>. Acesso em: 18/08/2025.
- Nataro, J. P., & Kaper, J. B. (1998). Diarrheagenic *Escherichia coli*. *Clinical Microbiology Reviews*, 11(1), 142–201. Disponível em: <https://doi.org/10.1128/CMR.11.1.142>. Acesso em: 18/08/2025.
- Nordmann, P., Naas, T., & Poirel, L. (2011). Global Spread of Carbapenemase-producing *Enterobacteriaceae*. *Emerging Infectious Diseases*, 17(10), 1791–1798. Disponível em: <https://doi.org/10.3201/eid1710.110655>. Acesso em: 18/08/2025.
- Nyirabahizi, E., Tyson, G. H., Dessai, U., Zhao, S., Kabera, C., Creary, E., Womack, N., Crews, M. K., Strain, E., & Tate, H. (2020). Evaluation of *Escherichia coli* as an indicator for antimicrobial resistance in *Salmonella* recovered from the same food or animal ceca samples. *Food Control*, 115. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2020.107280>. Acesso em: 18/08/2025.
- Olaitan, M. O., Orababa, O. Q., Shittu, R. B., Obunukwu, G. M., Kade, A. E., Arowolo, M. T., Oyediran, A. A., & Yusuff, R. A. (2025). Prevalence of ESBL-producing *Escherichia coli* in sub-Saharan Africa: A meta-analysis using a One Health approach. *One Health*, 20. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.onehlt.2025.101090>. Acesso em: 18/08/2025.
- O'Neill, J. (2014). *Antimicrobial Resistance: Tackling a crisis for the health and wealth of nations*. Disponível em: <https://amr->

[review.org/sites/default/files/AMR%20Review%20Paper%20-%20Tackling%20a%20crisis%20for%20the%20health%20and%20wealth%20of%20nations_1.pdf](https://www.researchgate.net/publication/353111111/figure/fig/1/figure-pdf/AMR%20Review%20Paper%20-%20Tackling%20a%20crisis%20for%20the%20health%20and%20wealth%20of%20nations_1.pdf). Acesso em: 18/08/2025.

Pakbin, B., Brück, W. M., & Rossen, J. W. A. (2021). Virulence factors of enteric pathogenic *Escherichia coli*: A review. *International Journal of Molecular Sciences*, 22(18). Disponível em: <https://doi.org/10.3390/ijms22189922>. Acesso em: 18/08/2025.

Pallo-Zimmerman, L. M., Byron, J. K., & Graves, T. K. (2010). CE Article 3 CE CREDITS | Compendium: Continuing Education for Veterinarians® E1 Fluoroquinolones: Then and Now. *Compendium: Continuing Education for Veterinarians*, 32(7), E1-9. Disponível em: http://assets.prod.vetlearn.com.s3.amazonaws.com/1a/a3a710678c11e0a3340050568d17ce/file/PV0710_zimmerman_CE.pdf. Acesso em: 18/08/2025.

Partridge, S. R., Kwong, S. M., Firth, N., & Jensen, S. O. (2018). Mobile Genetic Elements Associated with Antimicrobial Resistance. *American Society for Microbiology*, 31(4), e00088-17. Disponível em: <https://doi.org/10.1128/CMR.00088-17>. Acesso em: 18/08/2025.

Paz-González, A. D., Vázquez, K., Martínez-Vázquez, A. V, Ramírez-Martínez, C., & Rivera, G. (2023). Enterobacteriaceae in Pork Meat: Causal Agents of Public Health Problems. *Journal of biological and health sciences*, 25(2), 73–78. Disponível em: <https://doi.org/10.18633/biotecnia.v25i2.1846>. Acesso em: 18/08/2025.

Pellegrini, J. L., González, M. de los Á., Lösch, L. S., Merino, L. A., & Di Conza, J. A. (2025). Colistin-resistant *Escherichia coli* mediated by the *mcr-1* gene from pigs in northeastern Argentina. *Revista Argentina de Microbiología*. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.ram.2024.12.013>. Acesso em: 18/08/2025.

Pesciaroli, M., Cucco, L., De Luca, S., Massacci, F. R., Maresca, C., Medici, L., Panicià, M., Scoccia, E., Staffolani, M., Pezzotti, G., & Magistrali, C. F. (2017). Association between

- pigs with high caecal Salmonella loads and carcass contamination. *International Journal of Food Microbiology*, 242, 82–86. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2016.11.021>. Acesso em: 18/08/2025.
- Pointon, A. M., Hamilton, D., Kolega, V., & Hathaway, S. C. (2000). Risk assessment of organoleptic postmortem inspection procedures for pigs. *Veterinary Record*, 146(5), 124–131. Disponível em: <https://doi.org/10.1136/vr.146.5.124>. Acesso em: 18/08/2025.
- Popoff, M. Y., Bockemühl, J., & Gheesling, L. L. (2004). Supplement 2002 (no. 46) to the Kauffmann–White scheme. *Research in Microbiology*, 155(7), 568–570. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.resmic.2004.04.005>. Acesso em: 18/08/2025.
- Possebon, F. S., Tiba Casas, M. R., Nero, L. A., Yamatogi, R. S., Araújo, J. P., & Pinto, J. P. de A. N. (2020). Prevalence, antibiotic resistance, PFGE and MLST characterization of Salmonella in swine mesenteric lymph nodes. *Preventive Veterinary Medicine*, 179. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2020.105024>. Acesso em: 18/08/2025.
- Power, E. (2006). REVIEW Impact of antibiotic restrictions: the pharmaceutical perspective. *Clinical Microbiology Infection*, 12, 25–34. Disponível em: <https://doi.org/10.1111/j.1469-0691.2006.01528.x>. Acesso em: 18/08/2025.
- Pulford, C. V., Perez-Sepulveda, B. M., Rodwell, E. V., Weill, F.-X., Baker, K. S., & Hinton, J. C. D. (2019). *Salmonella enterica* Serovar Panama, an Understudied Serovar Responsible for Extraintestinal Salmonellosis Worldwide. *Infection and Immunity*, 87(9). Disponível em: <https://doi.org/10.1128/IAI.00273-19>. Acesso em: 18/08/2025.
- Rana, C., Vikas, V., Awasthi, S., Gautam, D., Vats, A., Rajput, S., Behera, M., Ludri, A., Berwal, A., Singh, D., & De, S. (2024). Antimicrobial resistance genes and associated mobile genetic elements in *Escherichia coli* from human, animal and environment.

Chemosphere, 369. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2024.143808>. Acesso em: 18/08/2025.

Rebstock, M. C., Crooks, H. M., Controulis, John., & Bartz, Q. R. (1949). Chloramphenicol (Chloromycetin). ¹ IV. ^{1a} Chemical Studies. *Journal of the American Chemical Society*, 71(7), 2458–2462. Disponível em: <https://doi.org/10.1021/ja01175a065>. Acesso em: 18/08/2025.

Reid, C. J., Wyrsh, E. R., Chowdhury, P. R., Zingali, T., Liu, M., Darling, A. E., Chapman, T. A., & Djordjevic, S. P. (2017). Porcine commensal escherichia coli: A reservoir for class 1 integrons associated with IS26. *Microbial Genomics*, 3(12). Disponível em: <https://doi.org/10.1099/mgen.0.000143>. Acesso em: 18/08/2025.

Sampaio, A. N. da C. E., Caron, E. F. F., Cerqueira-Cézar, C. K., Juliano, L. C. B., Tadielo, L. E., Melo, P. R. L., de Oliveira, J. P., Pantoja, J. C. de F., Martins, O. A., Nero, L. A., Possebon, F. S., & Pereira, J. G. (2024). Escherichia coli Occurrence and Antimicrobial Resistance in a Swine Slaughtering Process. *Pathogens*, 13(10). Disponível em: <https://doi.org/10.3390/pathogens13100912>. Acesso em: 18/08/2025.

Scaria, J., Warnick, L. D., Kaneene, J. B., May, K., Teng, C. H., & Chang, Y. F. (2010). Comparison of phenotypic and genotypic antimicrobial profiles in Escherichia coli and Salmonella enterica from the same dairy cattle farms. *Molecular and Cellular Probes*, 24(6), 325–345. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.mcp.2010.07.004>. Acesso em: 18/08/2025.

Schwarz, S., Kehrenberg, C., Doublet, B., & Cloeckaert, A. (2004). Molecular basis of bacterial resistance to chloramphenicol and florfenicol. Em *FEMS Microbiology Reviews* (Vol. 28, Número 5, p. 519–542). Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.femsre.2004.04.001>. Acesso em: 18/08/2025.

- Scollo, A., Perrucci, A., Stella, M. C., Ferrari, P., Robino, P., & Nebbia, P. (2023). Biosecurity and Hygiene Procedures in Pig Farms: Effects of a Tailor-Made Approach as Monitored by Environmental Samples. *Animals*, 13(7), 1262. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/ani13071262>. Acesso em: 18/08/2025.
- Shree, P., Singh, C. K., Sodhi, K. K., Surya, J. N., & Singh, D. K. (2023). Biofilms: Understanding the structure and contribution towards bacterial resistance in antibiotics. *Medicine in Microecology*, 16. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.medmic.2023.100084>. Acesso em: 18/08/2025.
- Siddi, G., Piras, F., Meloni, M. P., Migoni, M., Gymoese, P., Fredriksson-Ahomaa, M., De Santis, E. P. L., & Scarano, C. (2025). Characterization and antimicrobial resistance of commensal and pathogenic *Escherichia coli* from pigs in Sardinia (Italy). *International Journal of Food Microbiology*, 435. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2025.111156>. Acesso em: 18/08/2025.
- Silva, M. C. da, Silva, G., li, F., Ariadne, D., De, J., li, P., Prado, R., li, M., Caramori, J. G., Iii, J., Deon, J., & Iv, K. (2009). Prevalência de *Salmonella* sp. em suínos abatidos no Estado de Mato Grosso. *Ciência Rural*, 39, 266–268. Disponível em: <http://www.cdc.gov/epiinfo/>.. Acesso em: 18/08/2025.
- Smith, R. P., May, H. E., Burow, E., Meester, M., Tobias, T. J., Sassu, E.-L., Pavoni, E., Di Bartolo, I., Prigge, C., Wasyl, D., Zmudzki, J., Viltrop, A., Nurmoja, I., Zoche-Golob, V., Alborali, G. L., Romantini, R., Dors, A., Krumova-Valcheva, G., Koláčková, I., ... Daskalov, H. (2023). Assessing pig farm biosecurity measures for the control of *Salmonella* on European farms. *Epidemiology and Infection*, 151, e130. Disponível em: <https://doi.org/10.1017/S0950268823001115>. Acesso em: 18/08/2025.
- Spinosa, H. de S., Górnaiak, S. L., & Bernardi, M. M. (2017). *Farmacologia Aplicada à Medicina Veterinária* (6º ed).

- Sun, D., Jeannot, K., Xiao, Y., & Knapp, C. W. (2019). Editorial: Horizontal gene transfer mediated bacterial antibiotic resistance. *Frontiers in Microbiology*, 10. Disponível em: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.01933>. Acesso em: 18/08/2025.
- Teixeira, S. R. (2006). *Detecção de Salmonella spp. em amostras de fezes, linfonodos e carcaças de suínos no momento do abate* [Universidade de São Paulo. Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia]. Disponível em: https://www.teses.usp.br/teses/disponiveis/10/10134/tde-14052007-133108/publico/Solange_Rosa_Teixeira.pdf. Acesso em: 18/08/2025.
- Thorbjarnardóttir, S. H., Magnúsdóttir, R. A., & Eggertsson, G. (1978). Mutations Determining Generalized Resistance to Aminoglycoside Antibiotics in Escherichia coli. *Springer Nature*, 161, 89–98. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/BF00266619>. Acesso em: 18/08/2025.
- Toledo, M. R. F., Pontes, C. F., & Trabulsi, L. R. (1982a). EPM: Modificação do meio de Rugai e Araujo para a realização simultânea dos testes de produção de gás a partir de glucose, H₂S, urease e triptofano desaminase. *Revista de Microbiologia*, 13, 209–215.
- Toledo, M. R. F., Pontes, C. F., & Trabulsi, L. R. (1982b). MILI: Um meio para a realização dos testes de motilidade, indol e lisina descarboxilase. *Revista de Microbiologia*, 13, 230–235.
- Toma, C., Lu, Y., Higa, N., Nakasone, N., Chinen, I., Baschkier, A., Rivas, M., & Iwanaga, M. (2003). Multiplex PCR assay for identification of human diarrheagenic Escherichia coli. *Journal of Clinical Microbiology*, 41(6), 2669–2671. Disponível em: <https://doi.org/10.1128/JCM.41.6.2669-2671.2003>. Acesso em: 18/08/2025.
- Trevisani, M., Conter, M., Cecchini, M., Lamperti, L., Andriani, L., Rega, M., Bacci, C., Perri, M., & Bonardi, S. (2025). ELIME-IMS hybrid assay for Salmonella detection in swine

- mesenteric lymph nodes at slaughterhouse. *Food Microbiology*, 125. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.fm.2024.104659>. Acesso em: 18/08/2025.
- Tseng, M., Fratamico, P. M., Manning, S. D., & Funk, J. A. (2014). Shiga toxin-producing *Escherichia coli* in swine: The public health perspective. *Animal Health Research Reviews*, 15(1), 63–75. Disponível em: <https://doi.org/10.1017/S1466252313000170>. Acesso em: 18/08/2025.
- Viana, C., Sereno, M. J., Pegoraro, K., Yamatogi, R. S., Call, D. R., dos Santos Bersot, L., & Nero, L. A. (2019). Distribution, diversity, virulence genotypes and antibiotic resistance for *Salmonella* isolated from a Brazilian pork production chain. *International Journal of Food Microbiology*, 310. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2019.108310>. Acesso em: 18/08/2025.
- Wang, N., Luo, J., Deng, F., Huang, Y., & Zhou, H. (2022). Antibiotic Combination Therapy: A Strategy to Overcome Bacterial Resistance to Aminoglycoside Antibiotics. *Frontiers in Pharmacology*, 13. Disponível em: <https://doi.org/10.3389/fphar.2022.839808>. Acesso em: 18/08/2025.
- Wang, Y., Feng, Y., Wang, X., Ji, C., Upadhyay, A., Xiao, Z., & Luo, Y. (2025). A short review on *Salmonella* spp. involved mixed-species biofilm on food processing surface: Interactions, disinfectant resistance and its biocontrol. *Journal of Agriculture and Food Research*, 19. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.jafr.2025.101660>. Acesso em: 18/08/2025.
- Wang, Z., Zhang, Y., Xu, H., Chu, C., Wang, J., Jiao, X., & Li, Q. (2022). Whole-genome sequencing analysis reveals pig as the main reservoir for persistent evolution of *Salmonella enterica* serovar Rissen causing human salmonellosis. *Food Research International*, 154. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2022.111007>. Acesso em: 18/08/2025.

- Wangkheimayum, J., Phonglo, P., Singha, K. M., Chanda, D. D., & Bhattacharjee, A. (2022). *Escherichia coli* harbouring strAB with reduced susceptibility towards gentamicin and amikacin: a single centre study from India. *Access Microbiology*, 4(10). Disponível em: <https://doi.org/10.1099/acmi.0.000446>. Acesso em: 18/08/2025.
- WHO. (2024). *WHO List of Medically Important Antimicrobials A risk management tool for mitigating antimicrobial resistance due to non-human use*. World Health Organization. Disponível em: <https://cdn.who.int/media/docs/default-source/gcp/who-mia-list-2024-lv.pdf>. Acesso em: 18/08/2025.
- Woolhouse, M., Ward, M., van Bunnik, B., & Farrar, J. (2015). Antimicrobial resistance in humans, livestock and the wider environment. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 370(1670), 20140083. Disponível em: <https://doi.org/10.1098/rstb.2014.0083>. Acesso em: 18/08/2025.
- World Health Organization (WHO). (2024). *Foodborne Diseases Estimates*. <https://www.who.int/data/gho/data/themes/who-estimates-of-the-global-burden-of-foodborne-diseases>. Disponível em: <https://www.who.int/data/gho/data/themes/who-estimates-of-the-global-burden-of-foodborne-diseases>. Acesso em: 18/08/2025.
- Wottlin, L. R., Harvey, R. B., Norman, K. N., Droleskey, R. E., Andrews, K., Jackson, S. J., Anderson, R. C., & Poole, T. L. (2024). Prevalence and Characterization of Salmonella during Pork Sausage Manufacturing. *Microorganisms*, 12(8), 1599. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/microorganisms12081599>. Acesso em: 18/08/2025.
- Yang, Y., Sun, Y., Zhou, Z., Song, Y., Zhu, Y., Zhou, W., Yue, M., Zhao, G., Jiang, H., & Tang, B. (2025). Surveillance of *Escherichia coli* antimicrobial resistance in pig farms in Zhejiang province, China: High prevalence of multidrug resistance and risk-associated genes. *Microbial Pathogenesis*, 204. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.micpath.2025.107598>. Acesso em: 18/08/2025.

- Yin, M., Yang, B., Wu, Y., Wang, L., Wu, H., Zhang, T., & Tuohetaribayi, G. (2016). Prevalence and characterization of *Salmonella enterica* serovar in retail meats in market place in Uighur, Xinjiang, China. *Food Control*, *64*, 165–172. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2015.12.029>. Acesso em: 18/08/2025.
- Zhao, C., Wang, Y., Mulchandani, R., & Van Boeckel, T. P. (2024). Global surveillance of antimicrobial resistance in food animals using priority drugs maps. *Nature Communications*, *15*(1). Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s41467-024-45111-7>. Acesso em: 18/08/2025.
- Ziech, R. E., Lampugnani, C., Perin, A. P., Sereno, M. J., Sfaciotte, R. A. P., Viana, C., Soares, V. M., de Almeida Nogueira Pinto, J. P., & dos Santos Bersot, L. (2016). Multidrug resistance and ESBL-producing *Salmonella* spp. isolated from broiler processing plants. *Brazilian Journal of Microbiology*, *47*(1), 191–195. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.bjm.2015.11.021>. Acesso em: 18/08/2025.