



RESISTÊNCIA A ANTIMICROBIANOS NA MICROBIOTA DE PINGUINS: ESTABELECIMENTO DE UMA REFERÊNCIA PARA A RESISTÊNCIA A ANTIMICROBIANOS NA MICROBIOTA DE AVES

Rosana Meregalli, Homero Dewes
Universidade Federal do Rio Grande do Sul

INTRODUÇÃO

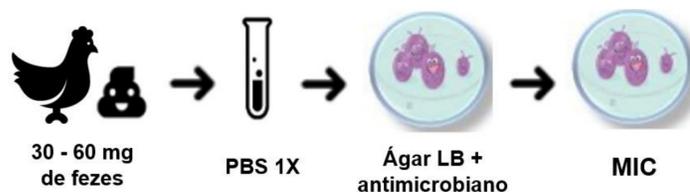
O Brasil é o maior exportador e segundo maior produtor mundial de carne de frango, tendo produzido 13,05 milhões de toneladas de carne de frango em 2017 (ABPA, 2018). Dentre os fatores que causam diminuição da produtividade e aumento nos custos da avicultura brasileira estão infecções bacterianas, que são controladas através do tratamento com agentes antimicrobianos. Porém, a exportação brasileira de carne de frango tem sofrido com barreiras não-tarifárias impostas pelos países importadores, que restringem o uso de antimicrobianos na criação dos frangos de corte, sob a alegação de que essa prática causa a emergência e disseminação de resistência antimicrobiana. Essa restrição/proibição tem dificultado o combate a infecções, com conseqüente diminuição da produtividade.

OBJETIVO

Comparar a resistência a antimicrobianos presente na microbiota de três espécies de pinguins da região antártica com a resistência presente na microbiota de frangos de corte. Dentre as amostras de fezes de pinguins antárticos testadas em trabalho anterior, apenas 10 de 44 apresentaram resistência. Como os pinguins antárticos estão entre as aves marinhas de menor contato com a ação humana direta, a resistência a antimicrobianos encontrada na sua microbiota pode servir como parâmetro para a resistência encontrada na microbiota de frangos de corte.

MATERIAIS E MÉTODOS

Foram coletadas amostras de fezes de 39 frangos de corte em aviários nas regiões Norte e Centro-Leste do Rio Grande do Sul em meados de 2016 pela equipe do Dr. Benito G. de Brito (Fepagro-RS). As amostras foram transportadas sob refrigeração (banho de gelo) e armazenadas a -80 °C. Os antimicrobianos escolhidos para serem utilizados neste trabalho são representados por quatro classes: macrolídeos (eritromicina), glicopeptídeos (vancomicina), tetraciclina (tetraciclina) e aminoglicosídeos (estreptomicina).



Dos isolados resistentes (que cresceram em concentrações elevadas no MIC), foi feita coloração de gram, extração de DNA através de lise alcalina e triagem por PCR para os respectivos genes de resistência: *erm(B)* – eritromicina, *tet(M)* – tetraciclina e *van(B)* – vancomicina. As espécies bacterianas foram identificadas por MALDI-TOF.

RESULTADOS

Foram triadas todas as 39 amostras de fezes de frango de corte (*Gallus gallus*), sendo que destas 31 cresceram em pelo menos um dos antimicrobianos.

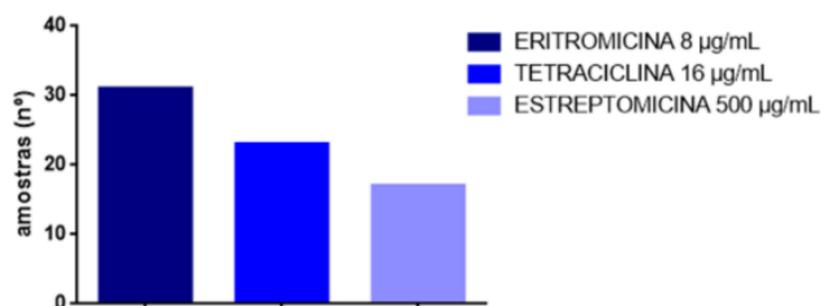


Figura 1. Amostras de fezes de frangos de corte com bactérias resistentes aos antimicrobianos testados.

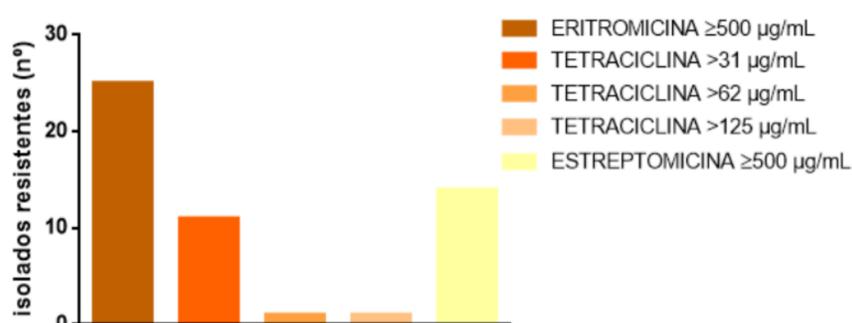


Figura 2. Isolados resistentes aos antimicrobianos testados presentes nas amostras de fezes de frangos de corte.

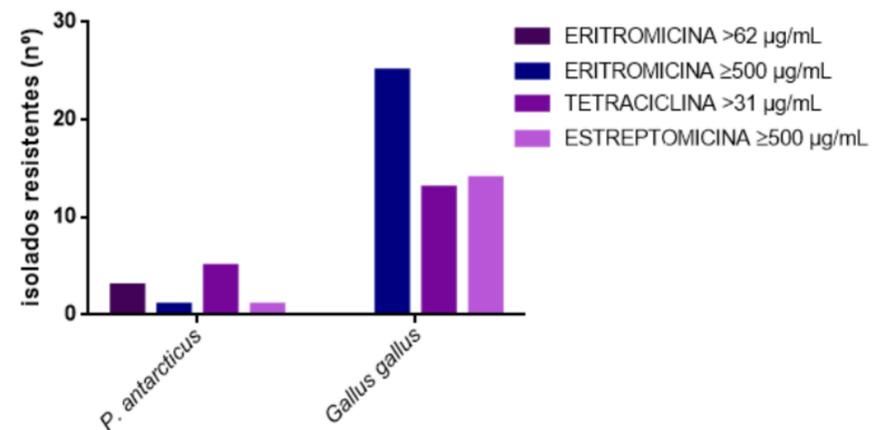


Figura 3. Comparação da presença de isolados resistentes aos antimicrobianos testados nas amostras de fezes do pinguim antártico *Pygoscelis antarcticus* e de frangos de corte.

Tabela 1. Espécies bacterianas dos isolados resistentes e genes de resistência presentes.

Isolados resistentes	CIM (µg/mL)	gene <i>erm(B)</i>	gene <i>tet(M)</i>
ERITROMICINA			
<i>Staphylococcus simulans</i> (Gg5)	≥ 500 µg/mL	-	n.d.
<i>Staphylococcus cohnii</i> (Gg8)	≥ 500 µg/mL	+	n.d.
<i>Enterococcus hirae</i> (Gg9)	≥ 500 µg/mL	+	n.d.
<i>Staphylococcus simulans</i> (Gg11)	≥ 500 µg/mL	-	n.d.
<i>Staphylococcus cohnii</i> (Gg12)	≥ 500 µg/mL	-	n.d.
<i>Staphylococcus simulans</i> (Gg14)	≥ 500 µg/mL	-	n.d.
<i>Staphylococcus simulans</i> (Gg16)	≥ 500 µg/mL	-	n.d.
<i>Staphylococcus simulans</i> (Gg17)	≥ 500 µg/mL	-	n.d.
<i>Staphylococcus xylosus</i> (Gg20)	≥ 500 µg/mL	-	n.d.
<i>Staphylococcus xylosus</i> (Gg22)	≥ 500 µg/mL	+	n.d.
<i>Staphylococcus cohnii</i> (Gg25)	≥ 500 µg/mL	+	n.d.
<i>Staphylococcus cohnii</i> (Gg27)	≥ 500 µg/mL	+	n.d.
<i>Staphylococcus lentus</i> (Gg30.1)	≥ 500 µg/mL	-	n.d.
<i>Enterococcus gallinarum</i> (Gg30.2)	≥ 500 µg/mL	-	n.d.
<i>Enterococcus faecium</i> (Gg32.2)	≥ 500 µg/mL	-	n.d.
<i>Staphylococcus haemolyticus</i> (Gg35.1)	≥ 500 µg/mL	-	n.d.
<i>Staphylococcus lentus</i> (Gg35.2)	≥ 500 µg/mL	-	n.d.
<i>Staphylococcus xylosus</i> (Gg35.3)	≥ 500 µg/mL	-	n.d.
<i>Staphylococcus simulans</i> (Gg36.1)	≥ 500 µg/mL	-	n.d.
<i>Staphylococcus xylosus</i> (Gg37.1)	≥ 500 µg/mL	-	n.d.
<i>Enterococcus faecium</i> (Gg37.2)	≥ 500 µg/mL	-	n.d.
<i>Staphylococcus simulans</i> (Gg38.1)	≥ 500 µg/mL	-	n.d.
<i>Enterococcus faecium</i> (Gg38.2)	≥ 500 µg/mL	-	n.d.
<i>Staphylococcus haemolyticus</i> (Gg39.1)	≥ 500 µg/mL	-	n.d.
<i>Enterococcus faecium</i> (Gg39.2)	≥ 500 µg/mL	-	n.d.
TETRACICLINA			
<i>Enterococcus faecalis</i> (Gg5)	> 31 µg/mL	n.d.	+
<i>Enterococcus faecium</i> (Gg8)	> 31 µg/mL	n.d.	+
not reliable identification - N.I. (Gg11)	> 62 µg/mL	n.d.	+
<i>Escherichia coli</i> (Gg13)	> 31 µg/mL	n.d.	-
<i>Enterococcus hirae</i> (Gg15)	> 31 µg/mL	n.d.	+
<i>Enterococcus faecalis</i> (Gg27)	> 31 µg/mL	n.d.	+
<i>Escherichia coli</i> (Gg30.1)	> 125 µg/mL	n.d.	-
<i>Enterococcus faecium</i> (Gg30.2)	> 31 µg/mL	n.d.	-
<i>Staphylococcus cohnii</i> (Gg34.2)	> 31 µg/mL	n.d.	-
<i>Enterococcus faecium</i> (Gg35.1)	> 31 µg/mL	n.d.	-
<i>Staphylococcus arlettae</i> (Gg36.1)	> 31 µg/mL	n.d.	-
<i>Staphylococcus haemolyticus</i> (Gg38.1)	> 31 µg/mL	n.d.	-
<i>Staphylococcus lentus</i> (Gg39)	> 31 µg/mL	n.d.	-
ESTREPTOMICINA			
<i>Enterococcus gallinarum</i> (Gg5)	≥ 500 µg/mL	n.d.	n.d.
<i>Enterococcus faecium</i> (Gg8)	≥ 500 µg/mL	n.d.	n.d.
<i>Enterococcus faecalis</i> (Gg11)	≥ 500 µg/mL	n.d.	n.d.
<i>Enterococcus hirae</i> (Gg12)	≥ 500 µg/mL	n.d.	n.d.
<i>Paenibacillus amylolyticus</i> (Gg13)	≥ 500 µg/mL	n.d.	n.d.
<i>Enterococcus faecium</i> (Gg17)	≥ 500 µg/mL	n.d.	n.d.
no peaks found N.I. (Gg20)	≥ 500 µg/mL	n.d.	n.d.
<i>Enterococcus faecalis</i> (Gg22)	≥ 500 µg/mL	n.d.	n.d.
<i>Enterococcus gallinarum</i> (Gg30)	≥ 500 µg/mL	n.d.	n.d.
no peaks found N.I. (Gg32)	≥ 500 µg/mL	n.d.	n.d.
<i>Enterococcus gallinarum</i> (Gg34)	≥ 500 µg/mL	n.d.	n.d.
<i>Enterococcus gallinarum</i> (Gg35)	≥ 500 µg/mL	n.d.	n.d.
no peaks found N.I. (Gg36)	≥ 500 µg/mL	n.d.	n.d.
<i>Enterococcus faecium</i> (Gg38)	≥ 500 µg/mL	n.d.	n.d.

N.I.: Não Identificada
n.d.: não determinado

CIM: Concentração Inibitória Mínima

CONCLUSÕES

Até o momento, considerando as amostras analisadas de ambos os grupos, as amostras de fezes de frangos de corte apresentaram mais isolados bacterianos resistentes aos antimicrobianos testados que as amostras de fezes de pinguins antárticos.