



**Universidade:
presente!**

UFRGS
PROPEAQ

XXXI SIC

21. 25. OUTUBRO • CAMPUS DO VALE

Salão UFRGS 2019
CONHECIMENTO FORMACÃO INOVAÇÃO

Evento	Salão UFRGS 2019: SIC - XXXI SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2019
Local	Campus do Vale - UFRGS
Título	Resistência a antimicrobianos na microbiota de pinguins: estabelecimento de uma referência para a resistência a antimicrobianos na microbiota de aves
Autor	ROSANA THALIA MEREGALLI
Orientador	HOMERO DEWES

Resistência a antimicrobianos na microbiota de pinguins: estabelecimento de uma referência para a
resistência a antimicrobianos na microbiota de aves
Rosana Meregalli, Homero Dewes (orient.) (UFRGS)

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. A região Sul do Brasil é a principal responsável por essa produção, contribuindo com 64,35% da produção nacional (ABPA, 2018). Dentre os fatores que diminuem a produtividade e consequentemente aumentam os custos da avicultura brasileira estão infecções bacterianas, cuja principal forma de controle é o uso de agentes antimicrobianos. Porém, a exportação brasileira de carne de frango tem sofrido com barreiras não tarifárias sob a forma de restrição do uso de antimicrobianos na criação, sob alegação de que a principal razão para a disseminação de resistência antimicrobiana seria a pressão seletiva causada pela presença de antimicrobianos na microbiota animal e no ambiente. Essa restrição dificulta o combate a infecções e diminui a produtividade. O objetivo deste projeto é comparar a resistência a antimicrobianos presente na microbiota de frangos de corte com a resistência presente na microbiota de duas espécies de pinguins da região antártica. 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. Em trabalho anterior, avaliamos a presença de bactérias resistentes na microbiota de duas espécies de pinguins antárticos, *Pygoscelis antarcticus* e *P. papua*. Como a microbiota desses pinguins apresentou apenas bactérias gram-positivas, escolhemos testar a resistência aos antimicrobianos eritromicina, tetraciclina, estreptomicina e vancomicina. Neste trabalho, testamos 39 amostras de fezes de frangos de corte de aviários nas regiões Norte e Centro-Leste do Rio Grande do Sul, coletadas em 2016 pela equipe do Dr. Benito G. de Brito (Fepagro-RS). As amostras foram transportadas sob refrigeração e armazenadas a -80 °C. Para isolar os microrganismos, adicionou-se 30 a 60 mg de fezes em 900 µL de solução salina (PBS); 10 µL desta suspensão foram inoculados em placas de ágar-LB na presença dos antimicrobianos acima, em concentrações pré-estabelecidas para *Enterococcus* sp., de acordo com o CLSI (CLSI, 2016). Das 39 amostras de fezes de frango de corte, 31 apresentaram crescimento bacteriano em pelo menos um dos antimicrobianos. Todas as 31 amostras apresentaram bactérias resistentes a eritromicina (8 µg/mL), 23, a tetraciclina (16 µg/mL) e 17, a estreptomicina (500 µg/mL). Os isolados que cresceram na triagem com antimicrobianos foram submetidos ao protocolo de concentração inibitória mínima (CIM), segundo o CLSI (CLSI, 2016). Para eritromicina, 25 isolados tiveram $CIM \geq 500$ µg/mL, oriundos de 19 amostras de fezes; para tetraciclina, 11 isolados apresentaram $CIM > 31$ µg/mL, 1 com $CIM > 62$ µg/mL e 1 com $CIM > 125$ µg/mL, oriundos de 12 amostras; para estreptomicina, 14 isolados apresentaram $CIM \geq 500$ µg/mL, oriundos de 14 amostras. Dentre os isolados resistentes, identificados por MALDI-TOF, há predominância dos gêneros *Staphylococcus* e *Enterococcus*, os mesmos gêneros predominantes nas fezes de pinguins antárticos. Ademais, as fezes de frangos são ricas em bactérias gram-negativas, incluindo *Escherichia coli*, ao contrário dos pinguins antárticos. A presença dos genes *erm(B)*, *tet(M)* e *van(B)*, que codificam resistência à eritromicina, tetraciclina e vancomicina, respectivamente, foi testada nos isolados resistentes. Em eritromicina, dos 25 isolados com $CIM \geq 500$ µg/mL, 5 tiveram o gene *erm(B)* e, em tetraciclina, dos 11 isolados com $CIM \geq 31$ µg/mL, 5 tiveram o gene *tet(M)*. Dentre os 4 isolados resistentes à eritromicina das amostras de fezes de pinguins antárticos, nenhum apresentou o gene *erm(B)*; dentre os 6 isolados resistentes à tetraciclina, 3 apresentaram o gene *tet(M)*. Observamos que, em 44 amostras de fezes de pinguins antárticos, apenas 9 (20%) tiveram bactérias resistentes aos antimicrobianos testados, enquanto que de 39 amostras de fezes de frangos, 31 (79%) apresentaram bactérias resistentes.