



Evento	Salão UFRGS 2018: SIC - XXX SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2018
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 12,9 milhões de toneladas de carne de frango em 2016, e os estados da região Sul do Brasil são os principais responsáveis por essa produção (ABPA, 2017). Os fatores que causam diminuição da produtividade e consequente aumento nos custos da avicultura brasileira estão infecções bacterianas. A principal forma de controlar a morbimortalidade causada por infecções bacterianas é o tratamento com 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 dos frangos de corte, impostas pelos países importadores, sob alegação de que a emergência da resistência antimicrobiana se deve à pressão seletiva causada pela presença de antimicrobianos na microbiota animal e no ambiente. Essa restrição dificulta o combate a infecções, havendo diminuição da 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 três 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. Foram coletadas amostras de fezes de 48 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 e armazenadas a -80 °C. Os antimicrobianos escolhidos para serem utilizados neste trabalho são: eritromicina, vancomicina, tetraciclina e estreptomicina. Para isolar os microrganismos presentes na amostra, adicionou-se 30 a 60 mg de fezes em 900 µL em PBS; 10 µL dessa suspensão foram inoculados em placas de ágar-LB na presença dos quatro antimicrobianos, em concentrações pré-estabelecidas para *Enterococcus* sp., de acordo com o CLSI (CLSI, 2016). As amostras que cresceram na triagem com antimicrobianos foram submetidas ao teste de microdiluição em ágar para verificar a concentração inibitória mínima (CIM) de cada antimicrobiano testado. Esse teste foi realizado com base no protocolo normativo do CLSI. Para identificar quais bactérias são gram-positivas ou gram-negativas das amostras que cresceram em concentrações elevadas de antimicrobianos no protocolo da CIM, foi realizada coloração de Gram. Para verificar a presença dos genes *van(B)*, *tet(M)* e *erm(B)*, que codificam resistência à vancomicina, tetraciclina e eritromicina, respectivamente, foi realizada extração de DNA dos isolados fenotipicamente resistentes, através de lise alcalina. Até o momento, foram triadas 16 das 48 amostras de fezes de frango de corte; dessas, 14 cresceram na presença de pelo menos um dos antimicrobianos testados. Todas as 14 amostras cresceram em eritromicina (8 µg/ml); 8 cresceram em vancomicina (32 µg/ml), 12 em tetraciclina (16 µg/ml) e 12 em estreptomicina (500 µg/ml). O protocolo da CIM foi realizado com 9 das 14 amostras que cresceram previamente na presença de pelo menos um dos antimicrobianos. Para eritromicina, as 9 amostras que cresceram na triagem com os antimicrobianos tiveram CIM > 500 µg/mL; para estreptomicina, das 7 que cresceram, 5 apresentaram CIM > 500 µg/mL; para tetraciclina, das 8 que cresceram, 2 apresentaram CIM = 62 µg/ml. Para vancomicina, nenhuma das 4 amostras que cresceram na triagem tiveram CIM significativa. Das 9 amostras resistentes à eritromicina, 4 apresentaram o gene *erm(B)*; as 2 amostras resistentes à tetraciclina apresentaram o gene *tet(M)*. Assim, das 16 amostras de fezes de frangos testadas, 14 apresentaram bactérias resistentes. Dentre as amostras de fezes de pinguins antárticos, testadas em trabalho anterior, apenas 10 de 44 apresentaram resistência. Até o momento nossos resultados mostram que as amostras de fezes de frangos de corte apresentaram maior resistência aos antimicrobianos testados que as amostras de fezes de pinguins antárticos.