

Identificação e manutenção de isolados de enterobactérias provenientes da microbiota intestinal de suínos clinicamente saudáveis

Giovanna Carmen Viol Reis¹, Denise Mara Soares Bazzolli², Rúzivia Pimentel Oliveira², Matheus Machado Guidini², Letícia Cabral Soares², Luiz Fellipe Rangel de Melo Cotias²

1: Colégio de Aplicação CAP-Coluni UFV

2: Laboratório de Genética Molecular de Bactérias/ Bioagro-UFV

Pesquisa

Introdução

A microbiologia se destina ao estudo de microrganismos, como bactérias, e de sua diversidade. A aplicação desse conhecimento beneficia o planeta Terra e o bem-estar humano. No contexto atual, a microbiologia se destaca ainda mais por possibilitar o descobrimento de novas estratégias para o controle de patógenos bacterianos, tanto de animais como suínos como de interesse humano. Sendo assim, o fortalecimento de atividades básicas em microbiologia é muito importante como as direcionadas à classificação desses microrganismos de acordo com suas características fenotípicas e bioquímicas.

Objetivos

O presente estudo teve como principal objetivo caracterizar fenotipicamente 8 isolados bacterianos da família Enterobacteriaceae provenientes de amostras retais de suínos clinicamente saudáveis.

Material e Métodos

Este estudo foi conduzido de acordo com o protocolo CEUAP 027/2021. Os isolados bacterianos eram provenientes de amostras retais de suínos alimentados com uma dieta comercial (Nutron Cargill) acrescida com 55 ppm de Bacitracina de Zinco e 5 ppm de Enramicina (grupo T1) (n=4) ou sem antibióticos (grupo T2) (n=4). As amostras fecais retais foram coletadas com o uso de swabs e semeadas em meio seletivo e diferencial para isolamento de bactérias da família Enterobacteriaceae. A partir de colônias isoladas foram obtidas culturas puras e estas foram armazenadas em caldo LB com glicerol 20 % e mantidas a -80 °C. Para a manutenção dos isolados, as culturas foram reativadas mensalmente em ágar LB e incubadas a 37 °C por 24 h em estufa. A caracterização morfológica das colônias foi realizada com a inoculação dos isolados nos meios ágar MacConkey e ágar EMB, sendo estes incubados a 37 °C por 24 h em estufa. Os testes bioquímicos foram realizados utilizando o meio Rugai modificado e o perfil de susceptibilidade aos antimicrobianos foi realizado por meio da técnica de disco-difusão. As análises de perfil de resistência foram realizadas de acordo com o documento CLSI VET 01 (2018).

Resultados e Discussão

Os resultados mostraram que todos os 8 isolados obtidos eram fermentadoras de lactose em meio MacConkey. Os isolados T2-198 e T2-224 apresentaram colônias incolores no ágar EMB, e os demais, colônias verdes metálicas. Seis isolados foram identificados como *Escherichia coli*, e T2-53 e T2-198 foram identificados como *Enterobacter* spp. e *Proteus vulgaris*, respectivamente. O teste de susceptibilidade a antimicrobianos demonstrou que 6 isolados eram resistentes aos antimicrobianos testados, com exceção dos isolados T1-34 e T1-40, que foram susceptíveis a trimetoprima e a cloranfenicol, respectivamente. O panorama dos resultados obtidos está evidenciado nas figuras 1, 2, 3 e 4.

Apoio Financeiro

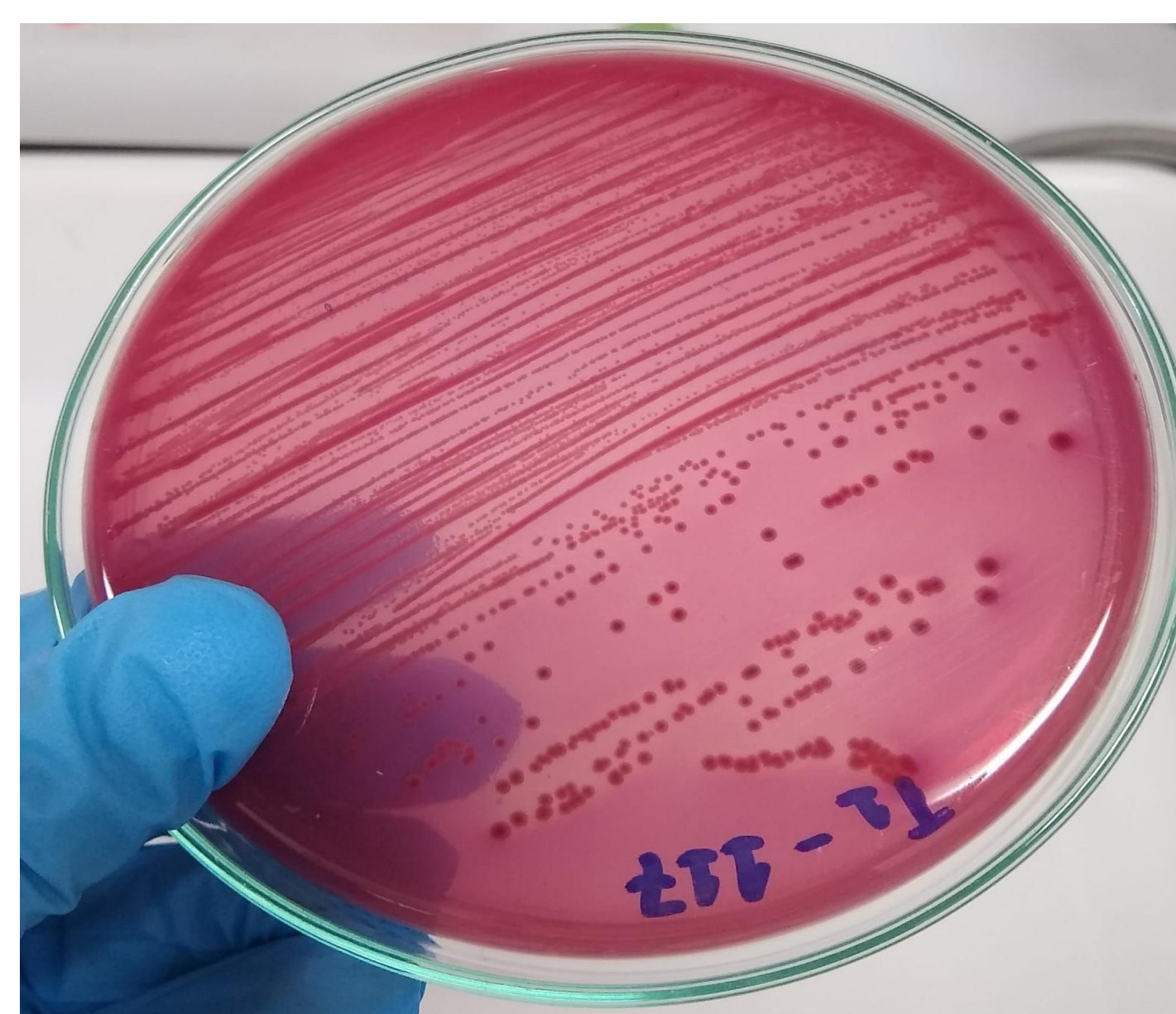


Figura 1: Representação de colônia do isolado T1-117 em meio MacConkey.

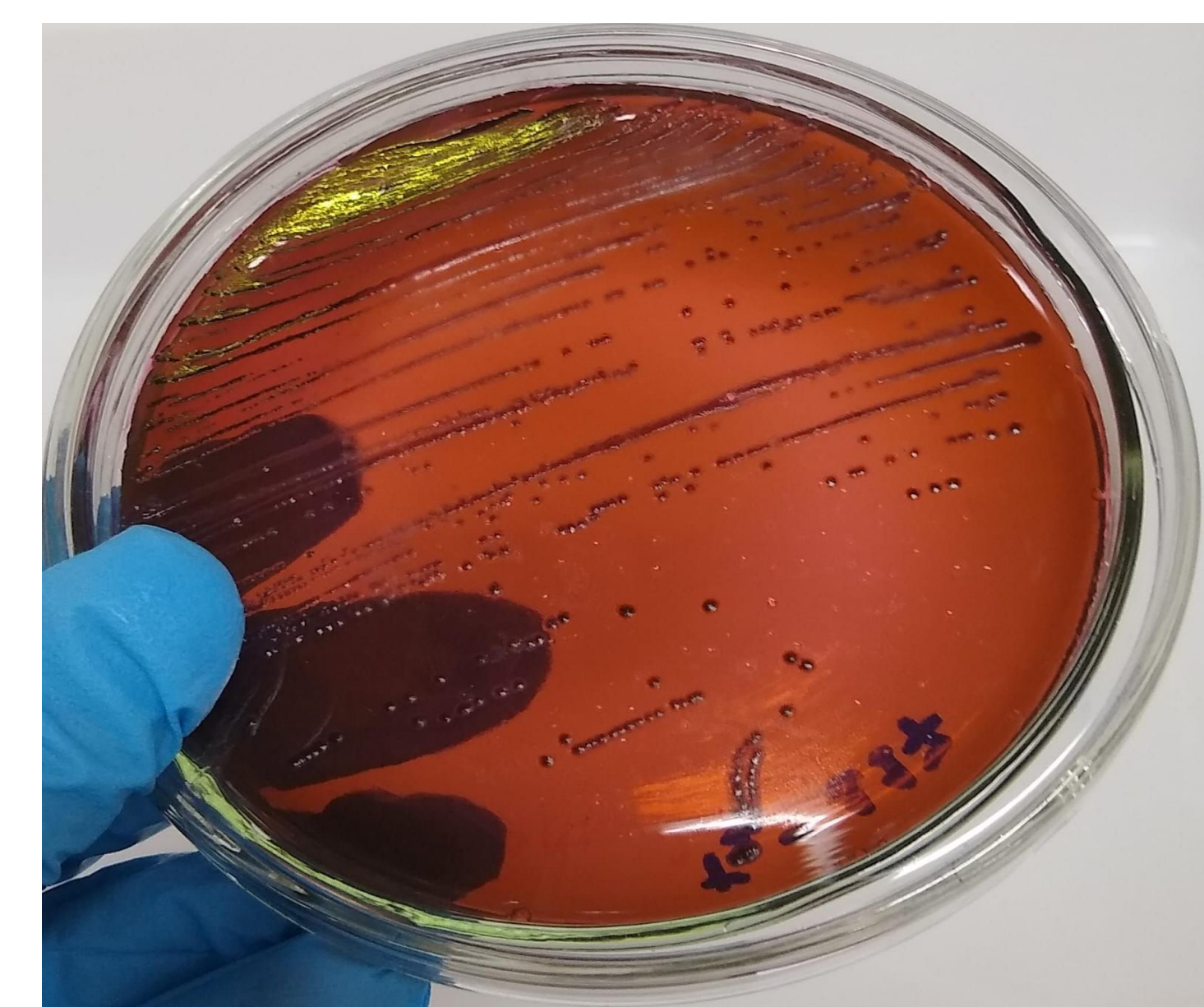


Figura 2: Representação de colônia do isolado T1-117 em meio EMB.

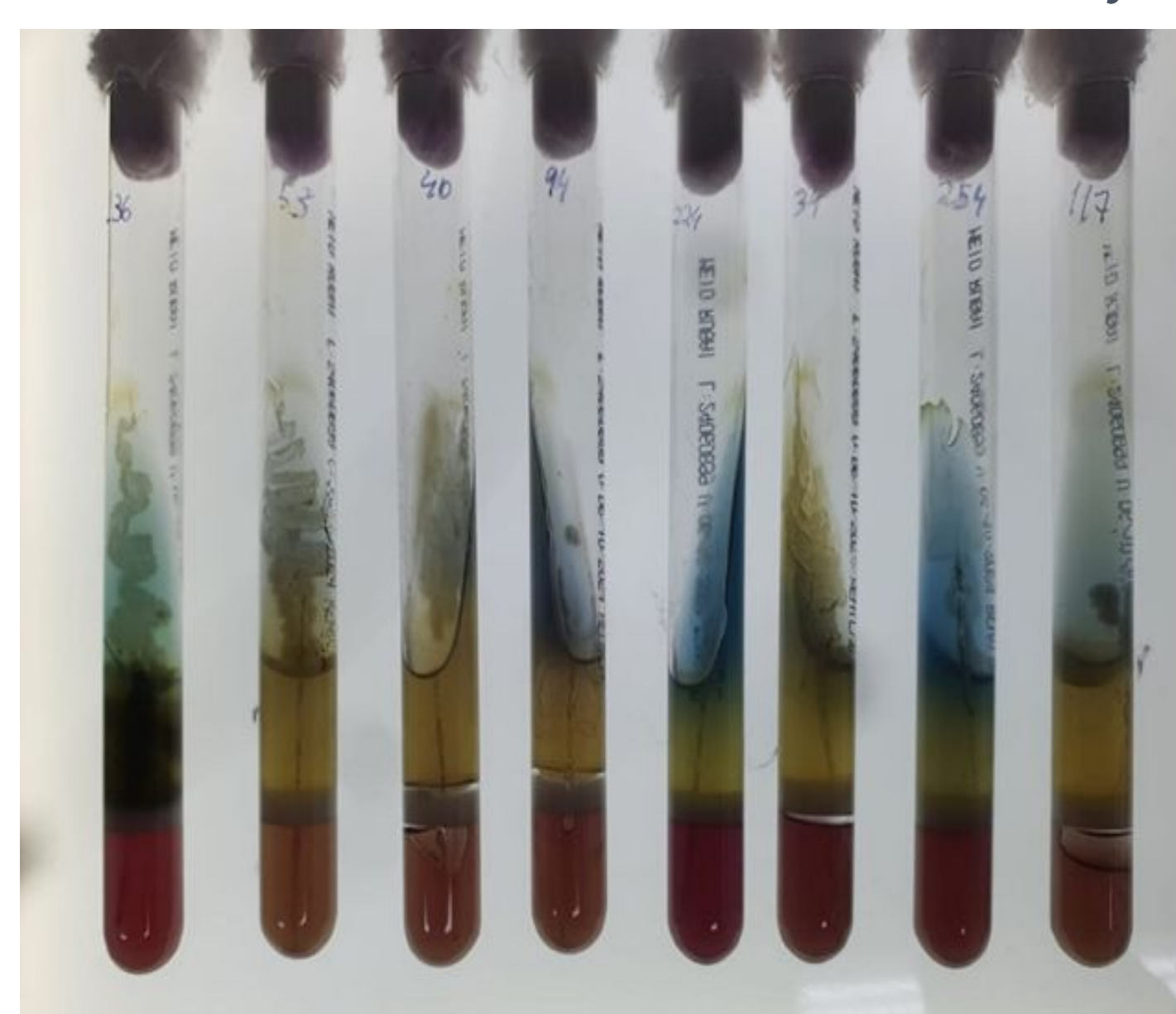


Figura 3: Identificação fenotípica de isolados bacterianos provenientes de reto de suínos saudáveis por testes bioquímicos (Rugai modificado), organizados, da esquerda para a direita: T2-198, T2-53, T1-40, T2-94, T2-224, T1-34, T1-254 e T1-117.

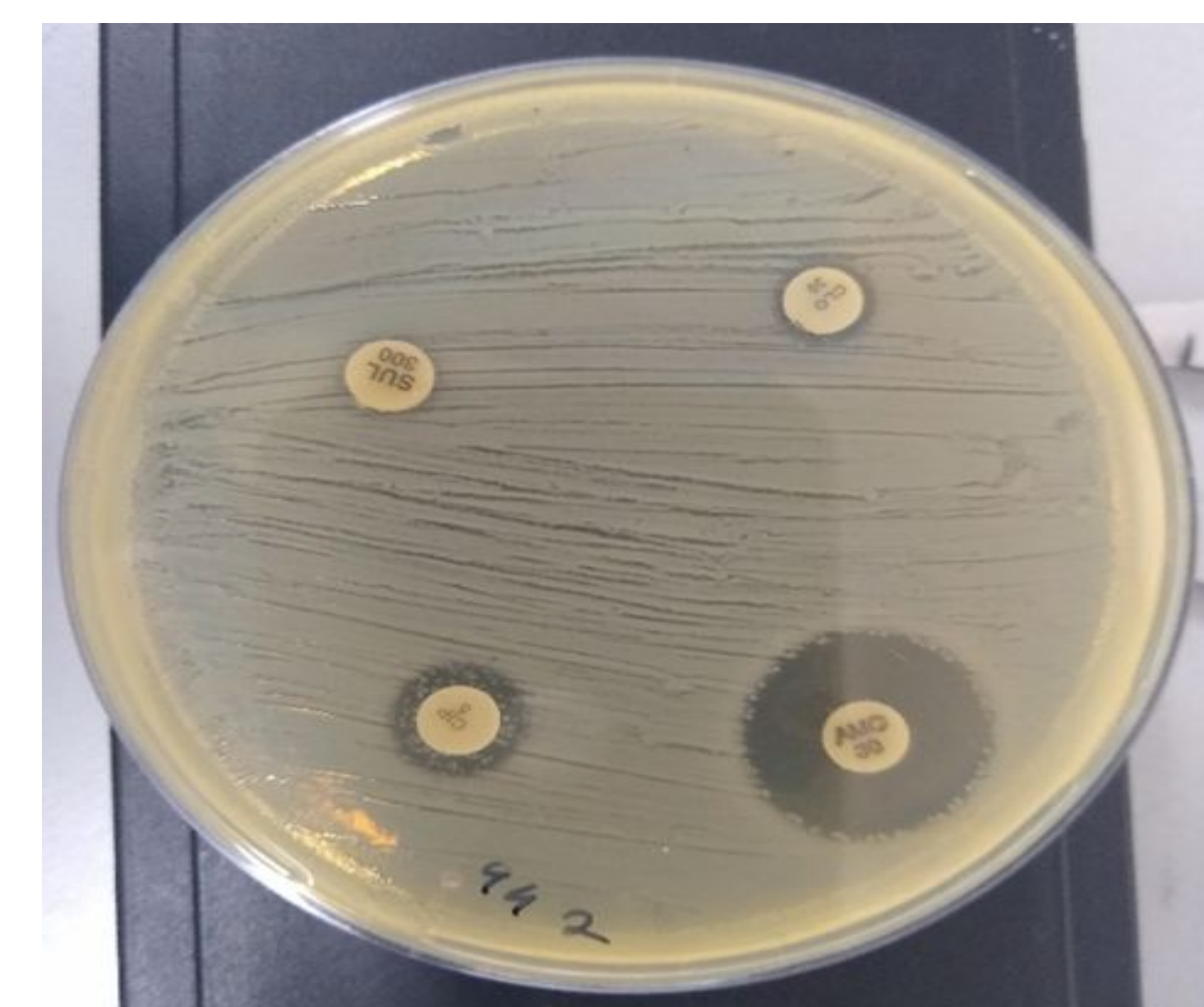


Figura 4: Antibiograma representando o isolado T2-94 com os antimicrobianos: amoxicilina-clavulanato (20 µg/10 µg), ciprofloxacino (5 µg), cloranfenicol (30 µg) e sulfonamida (30 µg).

A partir do antibiograma realizado, todos os isolados investigados foram suscetíveis à amoxicilina-clavulanato. Os resultados evidenciam a importância da caracterização de microrganismos da microbiota de animais clinicamente saudáveis alimentados ou não com antimicrobianos. Neste estudo, mesmo os animais que não receberam dietas acrescidas de antimicrobianos apresentaram membros da microbiota intestinal resistentes a antibióticos comumente usados na prática clínica animal e humana, evidenciando a importância de estudos como estes no contexto da saúde unificada (*One health*).

Conclusões

Neste estudo, com ênfase em caracterização de bactérias do reto de suínos saudáveis, com uso de dietas com adição (T1) e sem de antimicrobianos (T2), foi observado que animais adultos apresentam em sua microbiota normal bactérias resistentes a antimicrobianos, muitas vezes de uso comum na medicina veterinária e humana. Portanto, destaca-se a necessidade de se enfatizar sobre o uso responsável e consciente de antimicrobianos na agropecuária.

Bibliografia

- MADIGAN, M. T. et al. *Microbiologia de Brock*. 14. ed. Porto Alegre, Brasil: Artmed, 2016.
- TORTORA, G. J.; FUNKE, B. R.; CASE, C. L. *Microbiologia*. 10. ed. Porto Alegre, Brasil: Artmed, 2012.