

**TÍTULO:** GENES CODIFICADORES DE BETALACTAMASES DO TIPO ESBL E pAmpC EM BACTÉRIAS ISOLADAS DE CARÇAÇAS DE FRANGO: HÁ ALGO DE NOVO EM 2020?

**AUTORES:** SILVA, I.C; BONELLI, R.R.

**INSTITUIÇÃO:** INSTITUTO DE MICROBIOLOGIA, UFRJ (AVENIDA CARLOS CHAGAS FILHO, 373, SALA I2-59, CEP: 21941-902, RIO DE JANEIRO – RJ, BRASIL)

**RESUMO:**

O Brasil é um grande produtor e exportador de carne de frango. Recentemente ocorreram mudanças na legislação brasileira relativa à produção de alimentos de origem animal, inclusive com compromisso de mitigar a disseminação da resistência bacteriana. O objetivo desse estudo foi fornecer dados contemporâneos acerca da quantidade de coliformes e presença de betalactamases do tipo ESBL ou pAmpC em carcaças de frango congeladas oferecidas no varejo. Foram analisadas 35 carcaças de 14 marcas, sendo 20 associadas a animais de criação convencional e 15 a animais criados sem antibiótico (*antibiotic-free*, AF) adquiridas no estado do Rio de Janeiro durante o ano de 2020. Dez marcas possuíam Selo de Inspeção Federal (SIF) ou equivalente (SISBI) e quatro possuíam Selo de Inspeção Estadual (SIE). A pesquisa dos genes ocorreu diretamente no lavado de carcaças descongeladas e em bactérias capazes de crescer em meio MacConkey com betalactâmicos a partir do volume relativo a 1 mL de lavado sem etapa de enriquecimento. Obtivemos grande variação na contagem de coliformes totais (4,1 a > 2419,6 NMP/mL) e *E. coli* (zero a 1732 NMP/mL), não havendo tendência de acordo com marca ou forma de criação animal. Entre os 11 isolados com crescimento sugestivo da presença de ESBL, o fenótipo foi confirmado em oito *E. coli* (72,7%), sendo identificada a presença dos genes *bla*CTX-M-1 (n=5) e *bla*CTX-M-2 (n=3). Nenhum isolado foi positivo para *bla*CTX-M-8, *bla*SHV, *bla*TEM e *bla*GES. Já para os 14 isolados com crescimento em pressão seletiva sugestivo de presença de *bla*CMY, quatro possuíam o gene (28,5%) [*E. coli* (n=2), *E. cloacae* (n=2)]. A análise dos genes nos lavados das carcaças revelou *bla*CTX-M-2 em amostras de criação convencional (n=1, 5%) e AF (n=2, 13,3%) e *bla*CTX-M-8 em uma carcaça de origem convencional (5%). Considerando o conjunto das análises, a proporção de carcaças com tais genes seria 30% entre as convencionais e 20% entre as AF; e 19,2% entre as com SIF/SISBI e 33,3% entre as com SIE. No entanto, estes resultados precisam ser confirmados em estudos com um maior número de amostras para que tais tendências sejam validadas estatisticamente. Nossos resultados evidenciam a persistência da ocorrência de betalactamases no setor aviário, embora em menor proporção que estudos anteriores, e indicam maior prevalência do grupo *bla*CTX-M-1. Esses dados justificam a promoção de estudos mais abrangentes sobre a resistência aos betalactâmicos em enterobactérias no setor de produção aviário.

**Palavras-chave:** Enterobactérias; frango; genes de resistência, CTX-M; CMY.

**Agência de fomento:** CAPES, CNPQ, FAPERJ.