

LEVANTAMENTO DE BACTÉRIAS RESISTENTES A ANTIBIÓTICOS ISOLADAS A PARTIR DE MOSCAS COLETADAS PRÓXIMO A AVIÁRIO

ALVES, Daislany Andreia da Silva¹; LEITE, Jéssica Albuquerque¹; ZAHNER, Viviane¹

RESUMO

Introdução: a resistência bacteriana é um problema crescente em todo o mundo e os dípteros muscoides são agentes de disseminação dessas bactérias resistentes, de forma que esses animais podem atuar como indicadores de contaminação ambiental e de amplificação da resistência. No Brasil, estudos relatam a presença de importantes bactérias com diferentes genes de resistência em diferentes ambientes: tanto hospitalar, quanto extra hospitalar, onde se inclui ambientes de criação animal. **Objetivo:** verificar a diversidade bacteriana resistente a antibióticos de importância clínica, presente nos dípteros muscoides isolados em áreas próximas a aviário. **Material e métodos:** foram coletados 55 dípteros muscoides em Jacarepaguá, no Rio de Janeiro, em áreas adjacentes a aviário, onde se utilizou armadilhas de garrafa pet contendo carne moída putrefata. Essas moscas foram levadas ao laboratório e identificadas ao nível de família. Posteriormente, realizou-se o isolamento e estocagem dessas amostras. Os isolados foram identificados por MALDITOF MicroflexLT (BrukerDaltonics). Para análise da resistência fenotípica, realizou-se o teste de sensibilidade aos antimicrobianos por disco-difusão e a análise genotípica da resistência foi realizada por PCR para amplificação dos seguintes genes: beta-lactâmicos mais comumente encontrados nas amostras clínicas (*bla*-NDM, *bla*-KPC, *bla*-IMP, *bla*-VIM, *bla*-GES, *bla*-SIM, *bla*-OXA-23, *bla*-OXA48, *bla*-OXA143, *bla*-SHV, *bla*-TEM, *bla*-SPM, *bla*-GIM e *bla*-CTX-M). Os genes *vanA*, *vanB*, *van C1* e *C2* que conferem resistência à vancomicina. Para a detecção de resistência à colistina, pesquisou-se os genes *mcr-1* e *mcr-2*, e o gene *aac(6')-Ib* como gene codificador de enzima modificadora de aminoglicosídeo. **Resultados:** diferentes espécies bacterianas foram isoladas e identificadas como: *Acinetobacter johnsonii*, *Staphylococcus aureus*, *Enterococcus faecalis*, *Wautersiella falsenii*, *Lactococcus garvieae*, *Hafni aalvei*, *Pseudomonas* sp., *Lactobacillus*, *Bacillus cereus*, *Providencia alcalifaciens*, *Glutamicibacter mysorens*, *Glutamicibacter protophormia*, *Staphylococcus epidermidis*, *Microbacterium* sp., *Pseudomonas fulva* e *Acinetobacter bereziniae*. Em relação aos insetos ao nível de família, 33 dípteros muscoides foram identificados como Fanniidae, 16 Muscidae, 6 Sarcophagidae e 2 Psychodidae. Dentre os 15 antibióticos testados, encontrou-se resistência em 11 amostras pertencentes a 4 espécies diferentes, entretanto nenhum gene de resistência foi amplificado pela PCR. **Conclusão:** dípteros muscoides possuem elevada variedade de microrganismos potencialmente resistentes a diferentes antimicrobianos.

Palavras-chave: antibióticos; bactérias; dípteros muscoides; diversidade; resistência

¹Instituto Oswaldo Cruz - Fiocruz, Rio de Janeiro, RJ. andreiaalves.bio@gmail.com

¹Instituto Oswaldo Cruz - Fiocruz, Rio de Janeiro, RJ. vivazahner@yahoo.com.br

¹Instituto Oswaldo Cruz - Fiocruz, Rio de Janeiro, RJ. jessica.leite@outlook.com.br