



Instituto de Pesquisas
Veterinárias Desidério
Finamor



DDPA
Departamento de Diagnóstico
e Pesquisa Agropecuária



**100 ANOS
PESQUISA
AGROPECUÁRIA**

CIÊNCIA A SERVIÇO
DO RIO GRANDE DO SUL



GOVERNO DO ESTADO
RIO GRANDE DO SUL
SECRETARIA DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E
DESENVOLVIMENTO RURAL

Microbiota bacteriana respiratória e os fatores de risco na produção avícola

Benito Guimarães de Brito

IPVDF/DDPA/SEAPDR

Porto Alegre, 26 de agosto 2019



LABORATÓRIO
Saúde das Aves e
Inovação Tecnológica



Localização



Instituto de Pesquisas Veterinárias Desidério Finamor – IPVDF



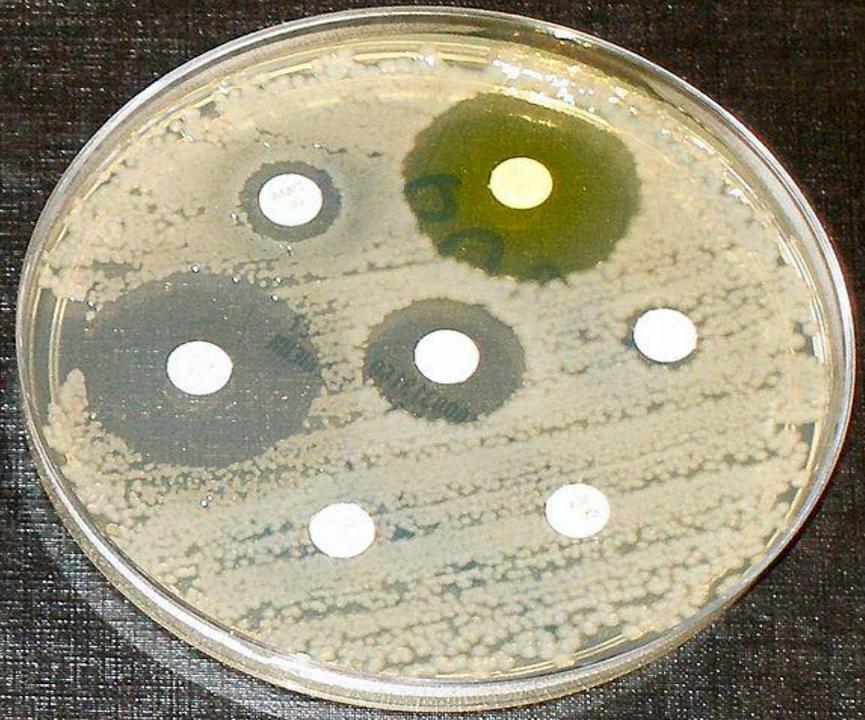
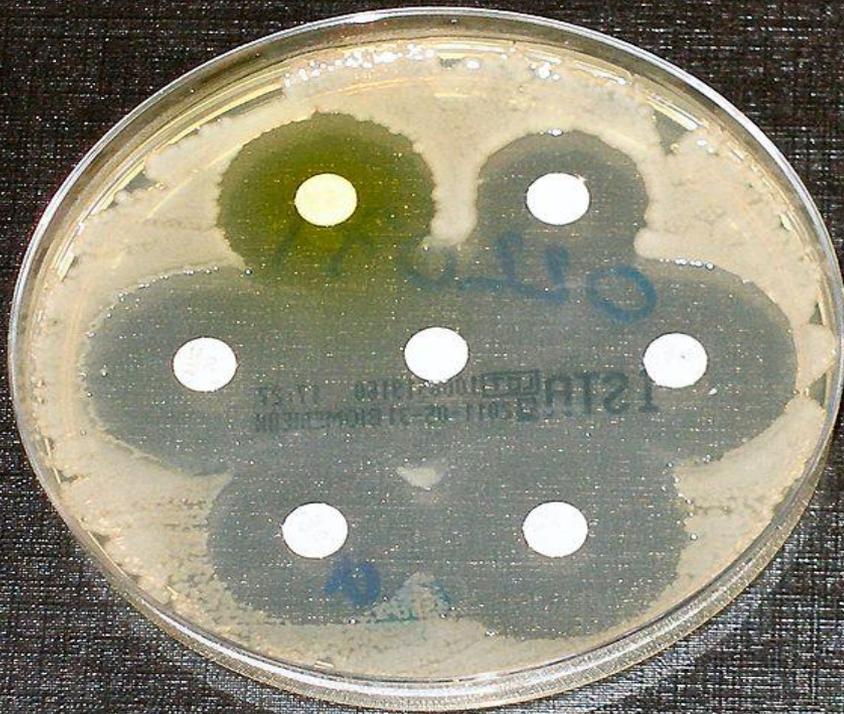


PESQUISAS RECENTES NO IPVDF

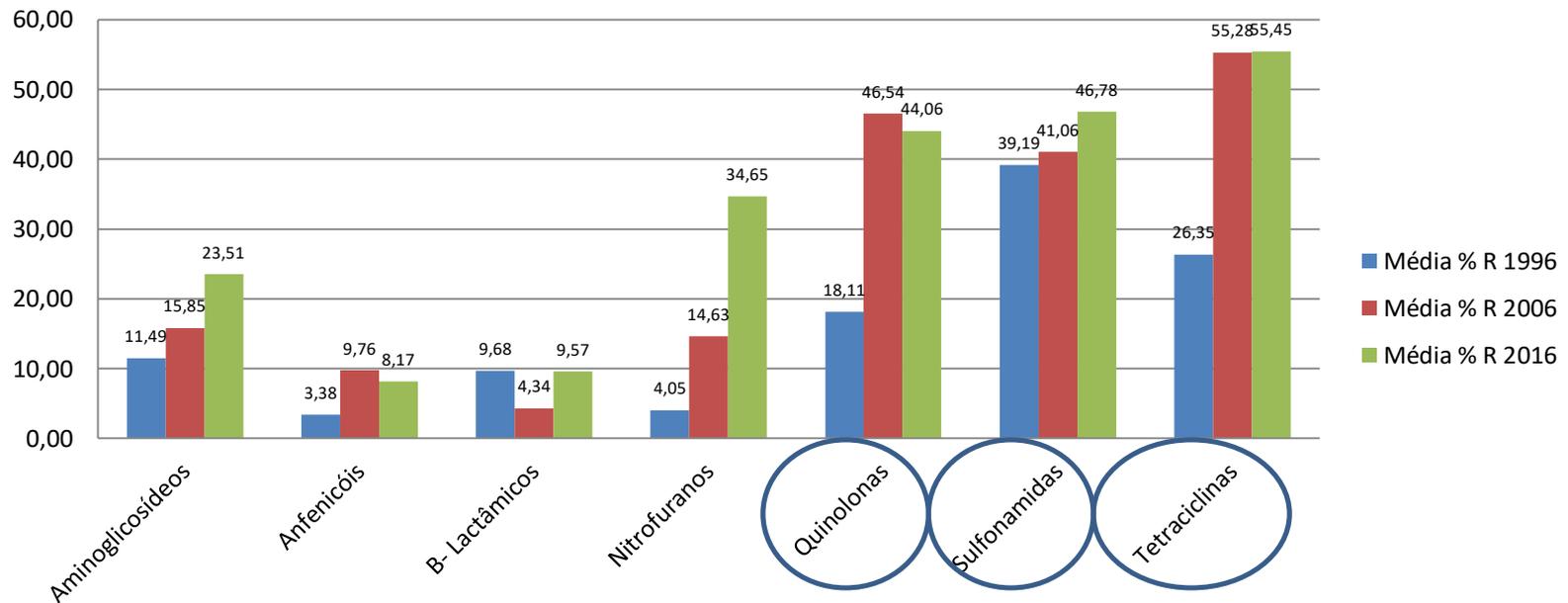
EVOLUÇÃO DA RESISTÊNCIA ANTIMICROBIANA

1986

2016



Multirresistência em 1996, 2006 e 2016 – Classes Antimicrobianas



resistência a três ou mais antimicrobianos de pelo menos três classes diferentes.

Multirresistência:

1996: **33,8%**

2006: **66,3%**

2016: **64,9%**



Antimicrobial susceptibility and pathogenicity of *Escherichia coli* strains of environmental origin

Suscetibilidade antimicrobiana e patogenicidade de amostras de *Escherichia coli* de origem ambiental

**Daiane Carvalho¹ Fabrine Finkler¹ Tiela Trapp Grassotti¹ Hiran Castagnino Kunert Filho¹
Francisco Esmail de Sales Lima¹ Beatriz Dugaich Soares¹ Juliana Marzari Rossato¹
Augusto César da Cunha¹ Kelly Cristina Tagliari de Brito¹ Benito Guimarães de Brito^{1*}**

ABSTRACT

The study aimed to evaluate the antimicrobial susceptibility of 109 samples of *Escherichia coli* (*E. coli*) of environmental origin and to characterize these isolates according to the degree of pathogenicity in vivo, verifying a possible relationship between this variable and susceptibility to the active principles tested. The isolates were subjected to disc diffusion test to 14 antibiotics. From 16.5% to 90% of the samples were sensitive; 1 - 28.5% showed intermediate degree of susceptibility and between 9 to 78% of *E. coli* analyzed were resistant. The highest resistance percentages were seen in the class of quinolones and tetracyclines (>75%), and for sensitivity in the class of amphenicols (68.8%).

encontrados para a classe das quinolonas e das tetraciclínas (>75%), e de sensibilidade para a classe dos anfênicos (68,8%). Por meio da inoculação em pintinhos de um dia de idade, os isolados foram classificados como sendo de patogenicidade alta (2,7%), intermediária (10,1%), baixa (42,2%) e apatogênicos (45%). Foi observada uma ampla variação no perfil de suscetibilidade das amostras frente aos antimicrobianos. Verificou-se também que a maioria apresentou potencial patogênico (55%), sendo, portanto, consideradas APEC (*E. coli* patogênica para aves). Não foi observada relação entre a patogenicidade e a suscetibilidade aos antimicrobianos ($P \leq 0,05$).

Palavras-chave: *Escherichia coli*, resistência, antimicrobianos.



Distribution of ExPEC Virulence Factors, *bla*_{CTX-M}, *fosA3*, and *mcr-1* in *Escherichia coli* Isolated From Commercialized Chicken Carcasses

Paula Signolfi Cyويا¹, Vanessa Lumi Koga¹, Erick Kenji Nishio¹, Sébastien Houle², Charles M. Dozois², Kelly Cristina Tagliari de Brito³, Benito Guimarães de Brito³, Gerson Nakazato¹ and Renata Katsuko Takayama Kobayashi^{1*}

¹ Department of Microbiology, Center of Sciences Biological, Universidade Estadual de Londrina, Londrina, Brazil, ² Institut Armand-Frappier, Institut National de la Recherche Scientifique, Laval, QC, Canada, ³ Avian Health Laboratory & Technical Innovation, Institute of Veterinary Research Desiderio Finamor (IPVDF), Eldorado do Sul, Rio Grande do Sul, Brazil

OPEN ACCESS

Edited by:

Gilberto Igrejas,

University of Trás-os-Montes and Alto

Pathogenic *Escherichia coli* found in humans and poultry carcasses harbor similar virulence and resistance genes. The present study aimed to analyze the distribution of extraintestinal pathogenic *E. coli* (ExPEC) virulence factors (VF), *bla*_{CTX-M} groups,

Apresentação

1. Importância

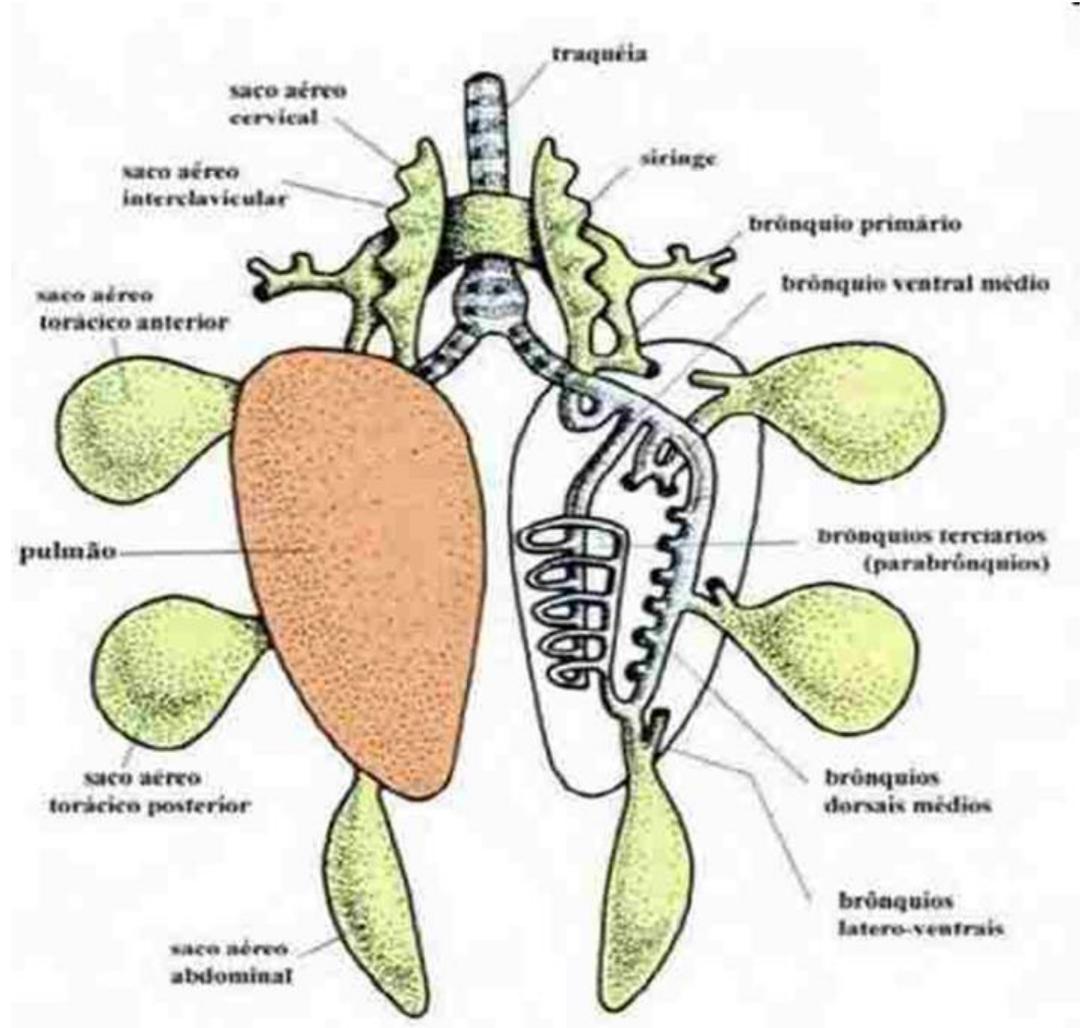
2. Sistema respiratório das aves

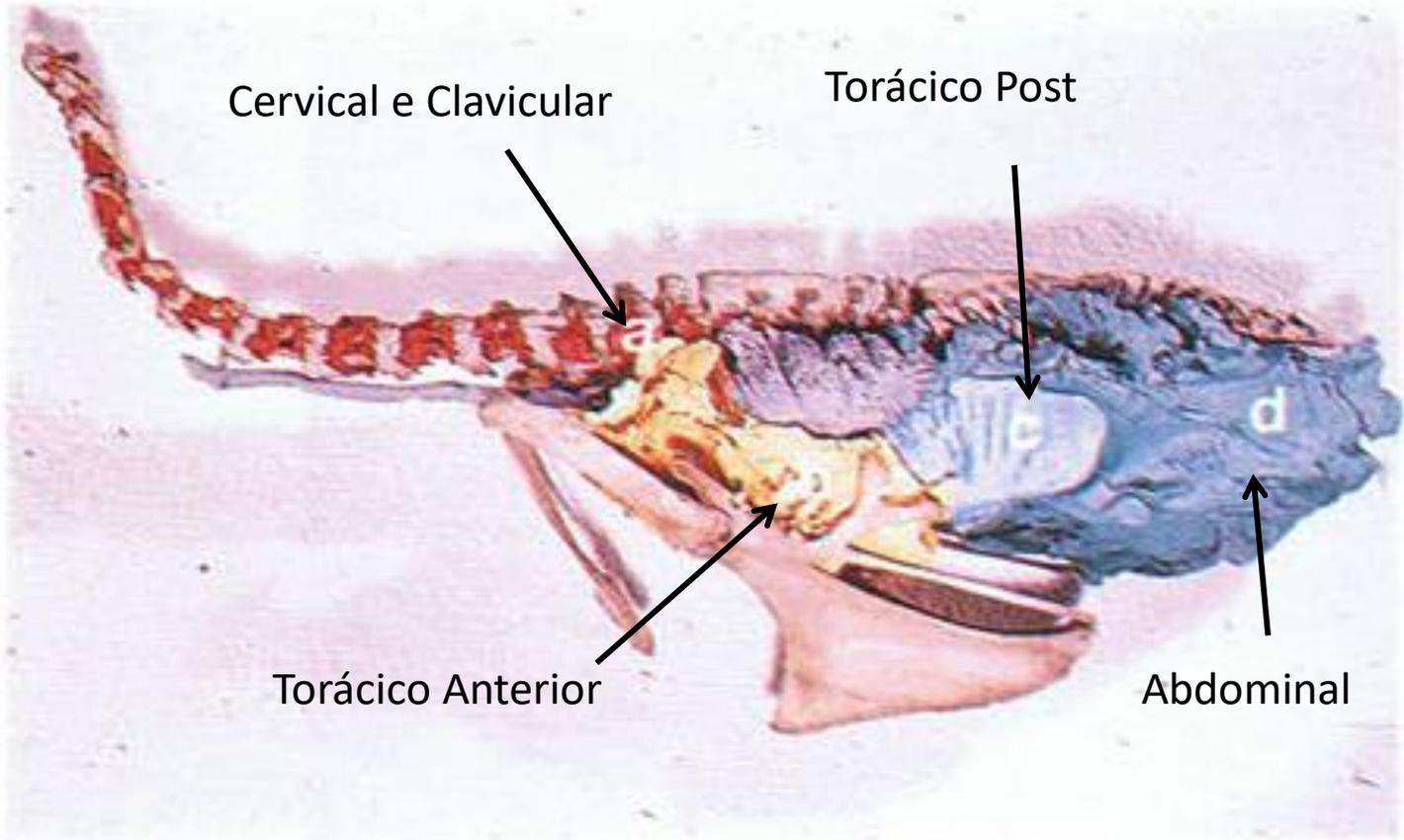
3. Microbiota bacteriana

4. Controle do fatores de risco



Anatomia





Principais Patógenos Bacterianos

Mycoplasma

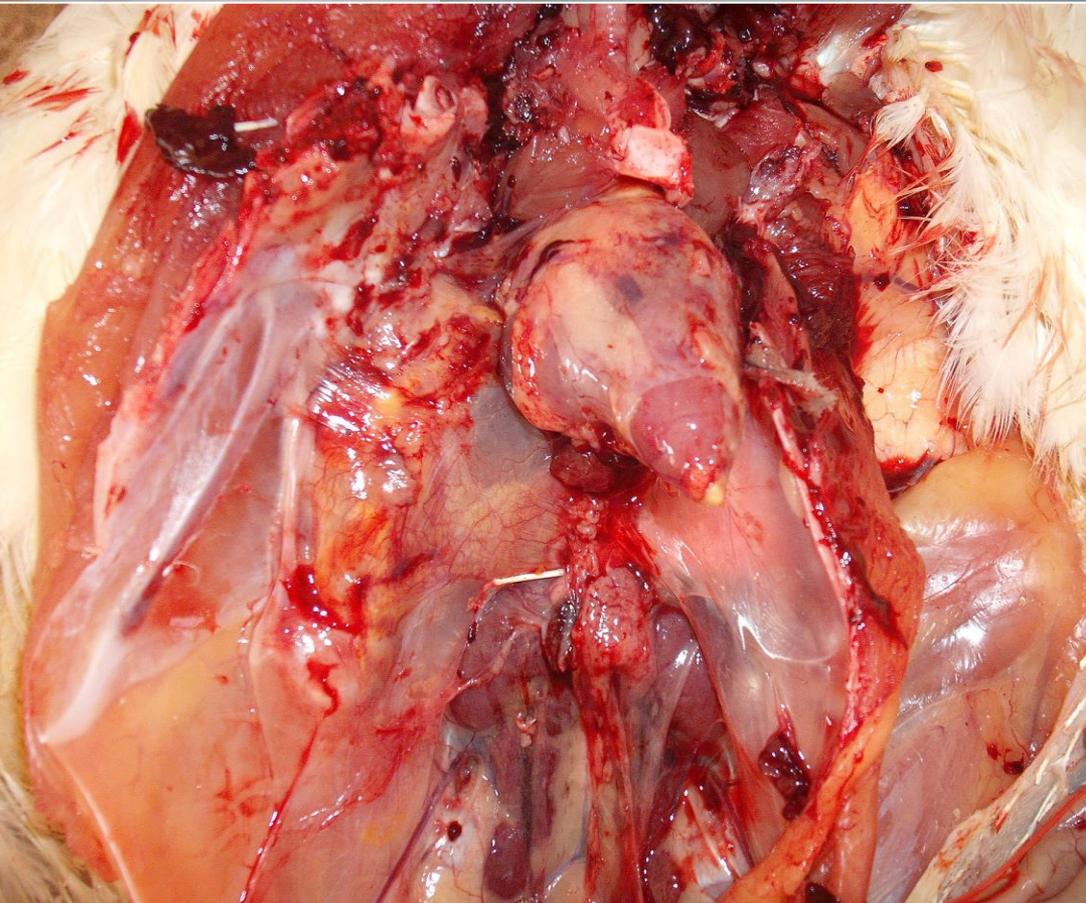
Pasteurella

Avibacterium

Escherichia coli

Ornitobacterium





Avaliação da microbiota bacteriana respiratória de frangos de corte

Beatriz Dugaich Soares^a, Tiela Trapp Grassotti^a, Luís Eduardo de Souza Gazal^a, Luciana Kazue Otutumi^b, Hiran Castagnino Kunert Filho^a, Taiara Carolaine Leal de Camargo^a, Elisângela Alano Borges^a, Rafael Tonini Mesquita^a, Fátima Regina Ferreira Jaenisch^c, Kelly Cristina Tagliari de Brito^a, Benito Guimarães de Brito^a.

^a Instituto de Pesquisas Veterinárias Desidério Finamor, FEPAGRO, Eldorado do Sul, Rio Grande do Sul, Brasil.

^b Universidade Paranaense, Umuarama, Paraná, Brasil.

^c Centro Nacional de Pesquisa de Suínos e Aves, EMBRAPA, Concórdia, Santa Catarina, Brasil.

Tabela 1: Média da contagem de bactérias totais (UFC/g) na traqueia, pulmão e sacos aéreos de 20 frangos de corte clinicamente saudáveis aos 21 dias de idade.

Órgão	UFC/g	Log ₁₀
Traqueia	5,1 x 10 ⁴	3,97 ^a
Sacos aéreos	1,1 x 10 ⁴	3,29 ^b
Pulmão	2,3 x 10 ³	2,78 ^b

Médias seguidas de letras diferentes diferem pelo teste de Tukey (traqueia-pulmão: $p < 0,01$; traqueia-sacos aéreos: $p < 0,05$)

Broiler	Microbial counting (CFU/g)*			Number of microbial isolates			Isolates multiple antimicrobial resistance (%)			High throughput sequencing (sequences/sample)	
	Trachea	Lung	Air sacs	Trachea	Lung	Air sacs	Trachea	Lung	Air sacs	Trachea	Lung
1	41,000	150	500	4	4	6	0	1.23	1.23		
2	6,400	100	2,900	2	6	6	0	0	16.66	61,946	80,166
3	3,000	350	450	1	4	4	0	1.23	1.23		
4	520,000	650	1,400	11	3	6	1.23	0	2.46		
5	3,500	750	200	3	1	3	0	0	0		
6	4,500	550	450	2	5	3	0	2.46	0		
7	21,000	9,900	5,200	9	11	11	0	1.23	2.46		
8	7,500	1,200	1,200	8	13	5	0	3.7	1.23		
9	9,800	500	13,000	5	7	6	0	2.46	1.23	59,953	40,668
10	11,000	2,600	12,000	5	6	8	0	2.46	1.23		
11	3,100	200	200	4	3	7	0	1.23	2.46		
12	1,000	100	800	2	1	1	0	0	0		
13	100,000	0	700	11	3	7	0	0	2.46		
14	6,700	1,600	4,700	7	11	9	0	2.46	1.23		
15	7,400	200	300	8	7	4	0	1.23	0	96,720	48,651
16	24,000	10,000	39,000	8	7	11	0	0	1.23		
17	100	800	150	0	3	1	0	1.23	0		
18	4,000	9,000	33,000	6	8	5	0	0	0		
19	240,000	8,000	120,000	9	6	5	1.23	0	0		
20	7,900	450	1800	5	3	4	0	0	1.23		

* average three counts; ni = not identified

Tabela 2: Quantidade de isolados de bactérias Gram positivas e Gram negativas na traqueia, pulmão e sacos aéreos de 20 frangos de corte clinicamente saudáveis aos 21 dias de idade.

Bactérias	Traqueia	Sacos aéreos	Pulmão	TOTAL
Gram positivas	62	65	62	189
Gram negativas	48	47	50	145
TOTAL	110	112	112	334

$\chi = 0,167$; valor de $p = 0,9199$



Figura 1. Gêneros bacterianos identificados na microbiota respiratória de frangos saudáveis.

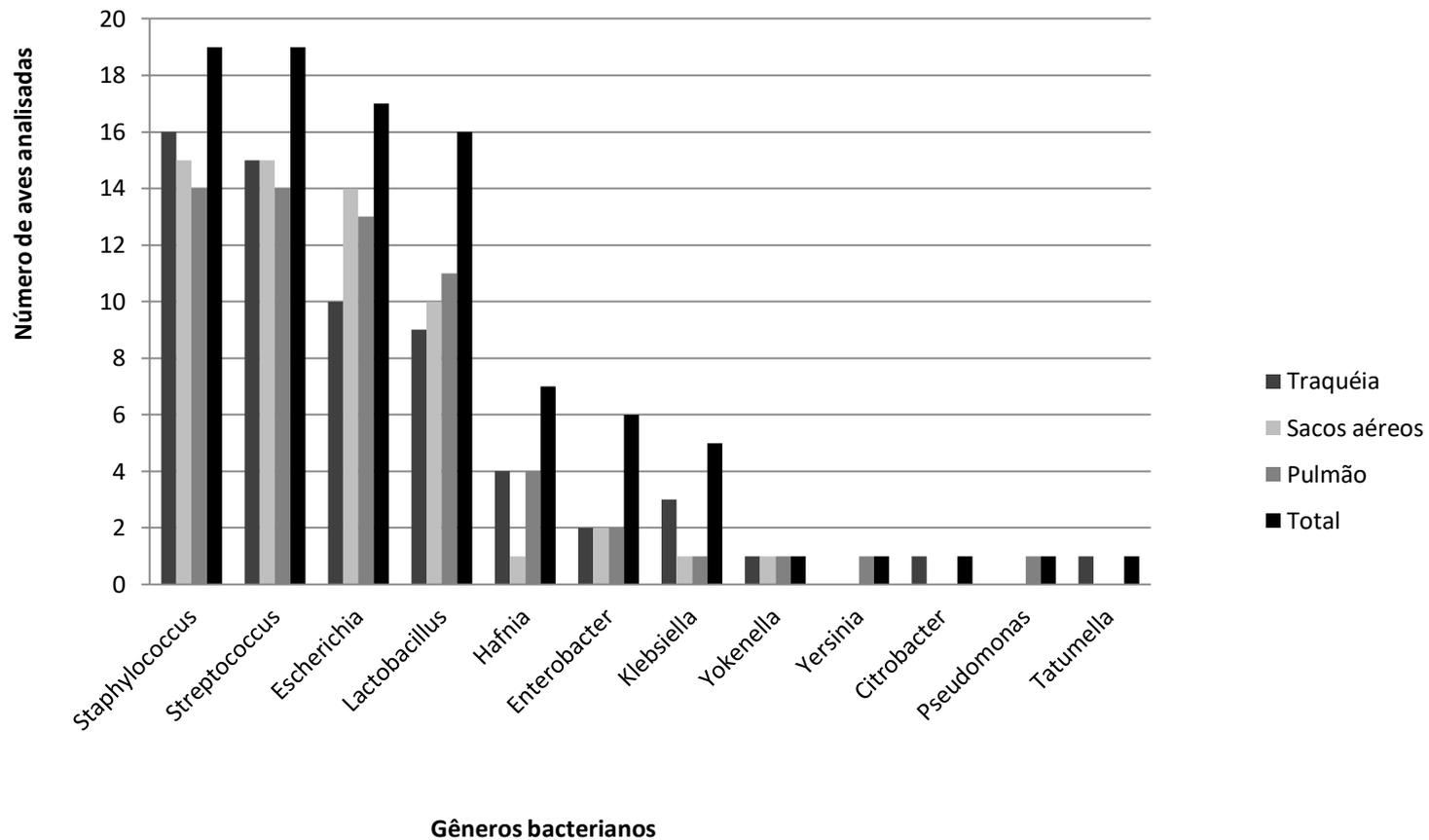


Figura 2. Presença de gêneros bacterianos na microbiota de 20 frangos de corte analisados.

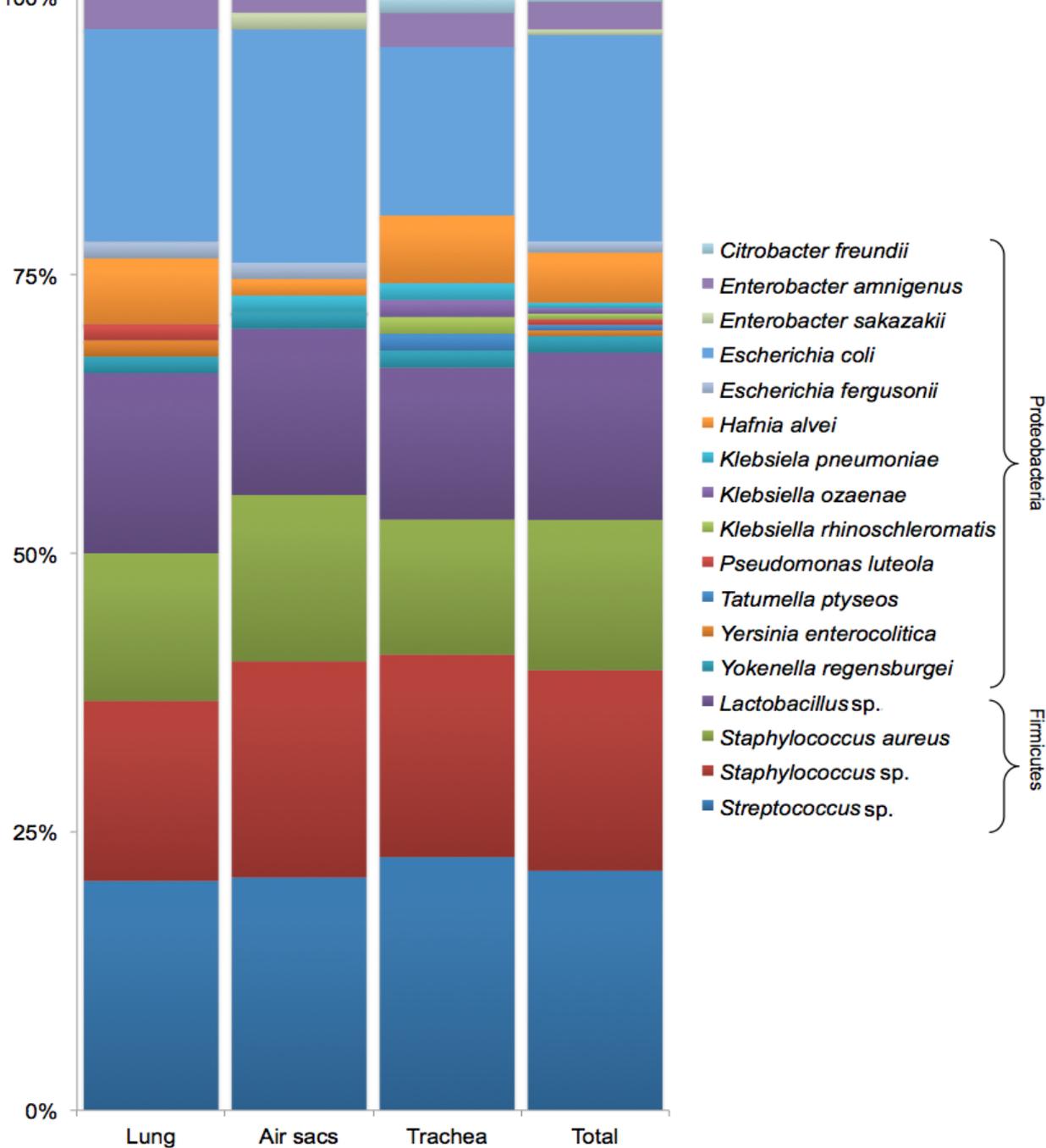
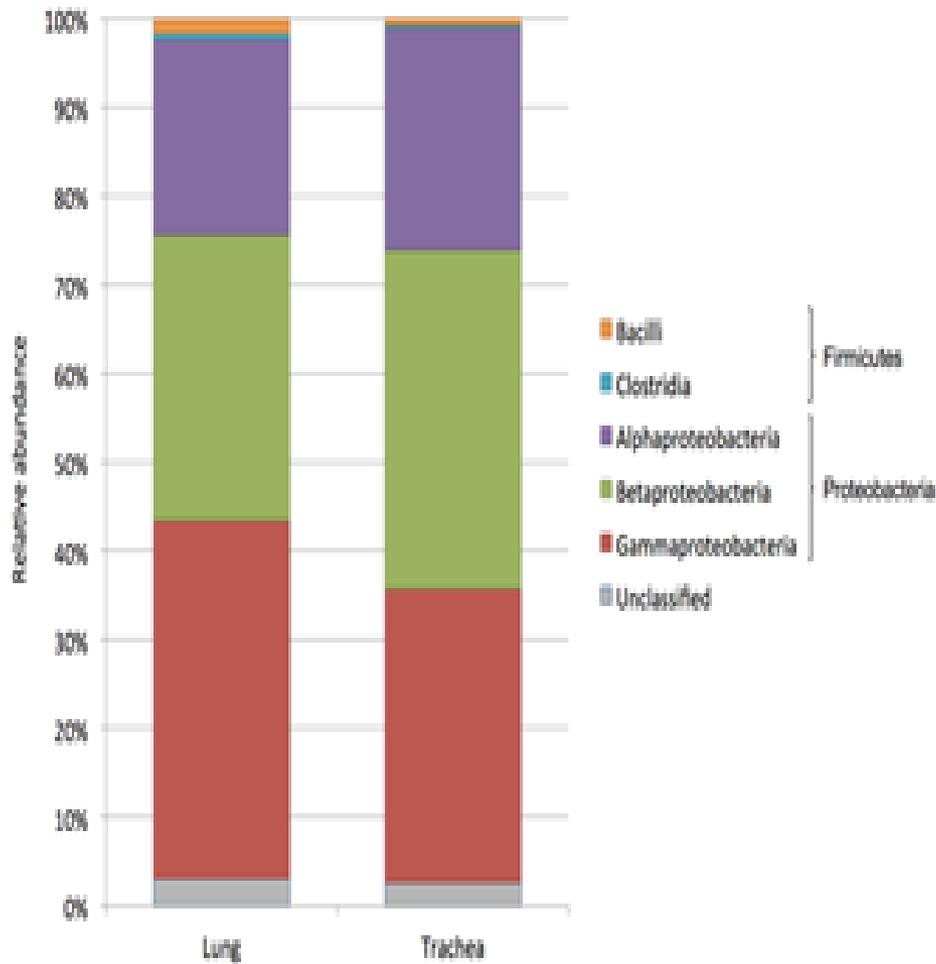


Figura 3. Identificação bioquímica das espécies bacterianas presentes no pulmão, sacos aéreos e traquéia de frangos de corte sadios.

A



B

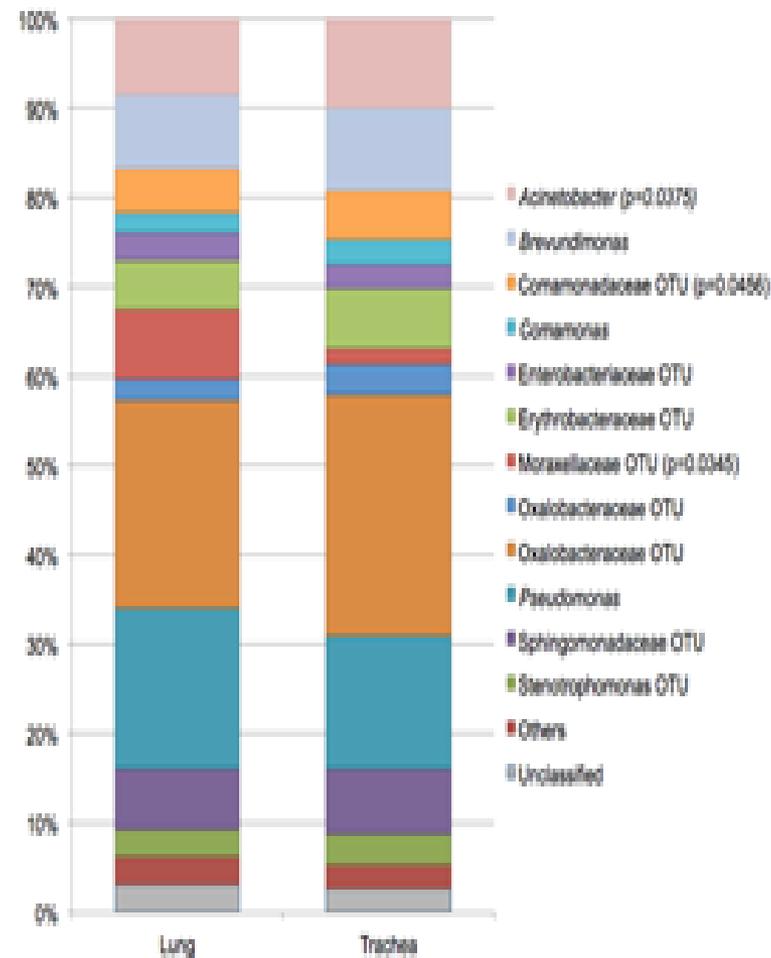


Figura 4. Microbioma de pulmão e traquéia, através da técnica de sequenciamento do gene 16s rRNA. A) Classificação em relação aos Filos. B) Classificação em relação aos Gêneros bacterianos.

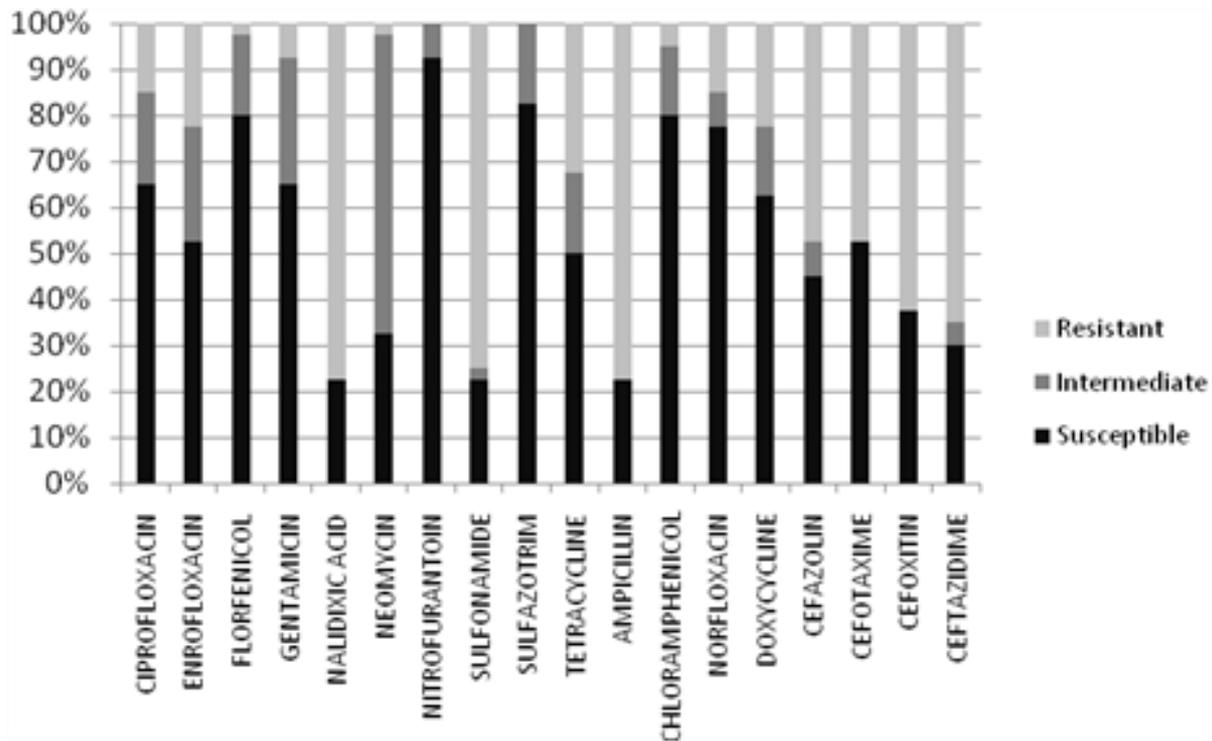
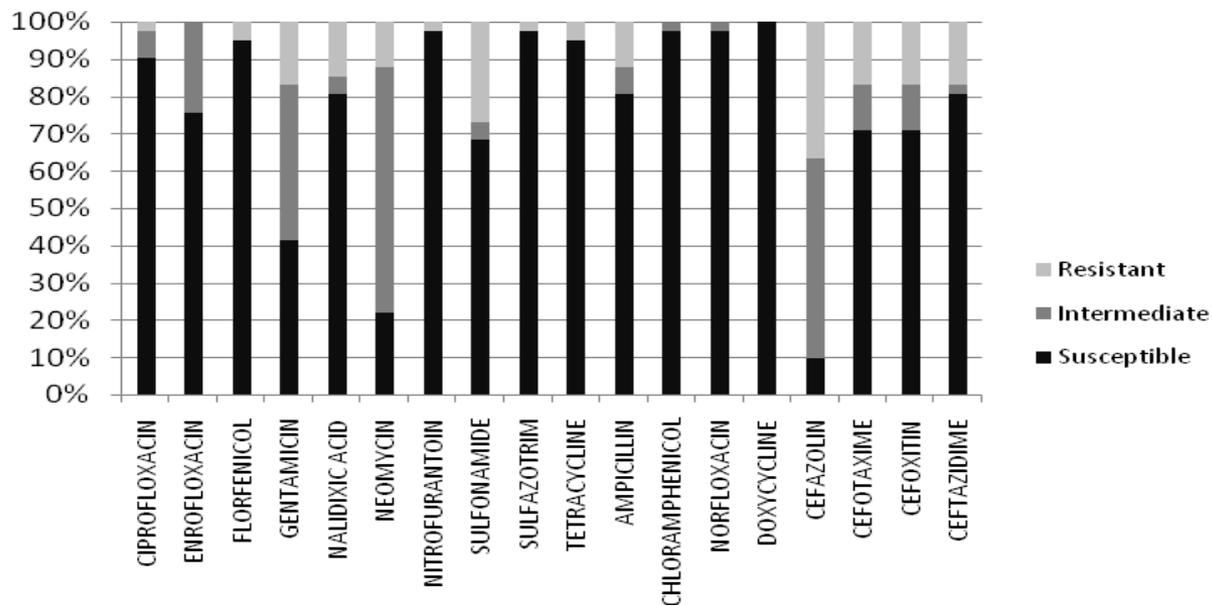


Figura 5. Suscetibilidade antimicrobiana de bactérias: A) Gram positivas; B) Gram negativas



Farm Stage, Bird Age, and Body Site Dominantly Affect the Quantity, Taxonomic Composition, and Dynamics of Respiratory and Gut Microbiota of Commercial Layer Chickens

 John M. Ngunjiri,^a Kara J. M. Taylor,^a Michael C. Abundo,^{a,b} Hyesun Jang,^{a,b} Mohamed Elaish,^{a,b} Mahesh KC,^{a,b} Amir Ghorbani,^{a,b} Saranga Wijeratne,^c Bonnie P. Weber,^d Timothy J. Johnson,^{d,e} Chang-Won Lee^{a,b}

^aFood Animal Health Research Program, Ohio Agricultural Research and Development Center, The Ohio State University, Wooster, Ohio, USA

^bDepartment of Veterinary Preventive Medicine, College of Veterinary Medicine, The Ohio State University, Columbus, Ohio, USA

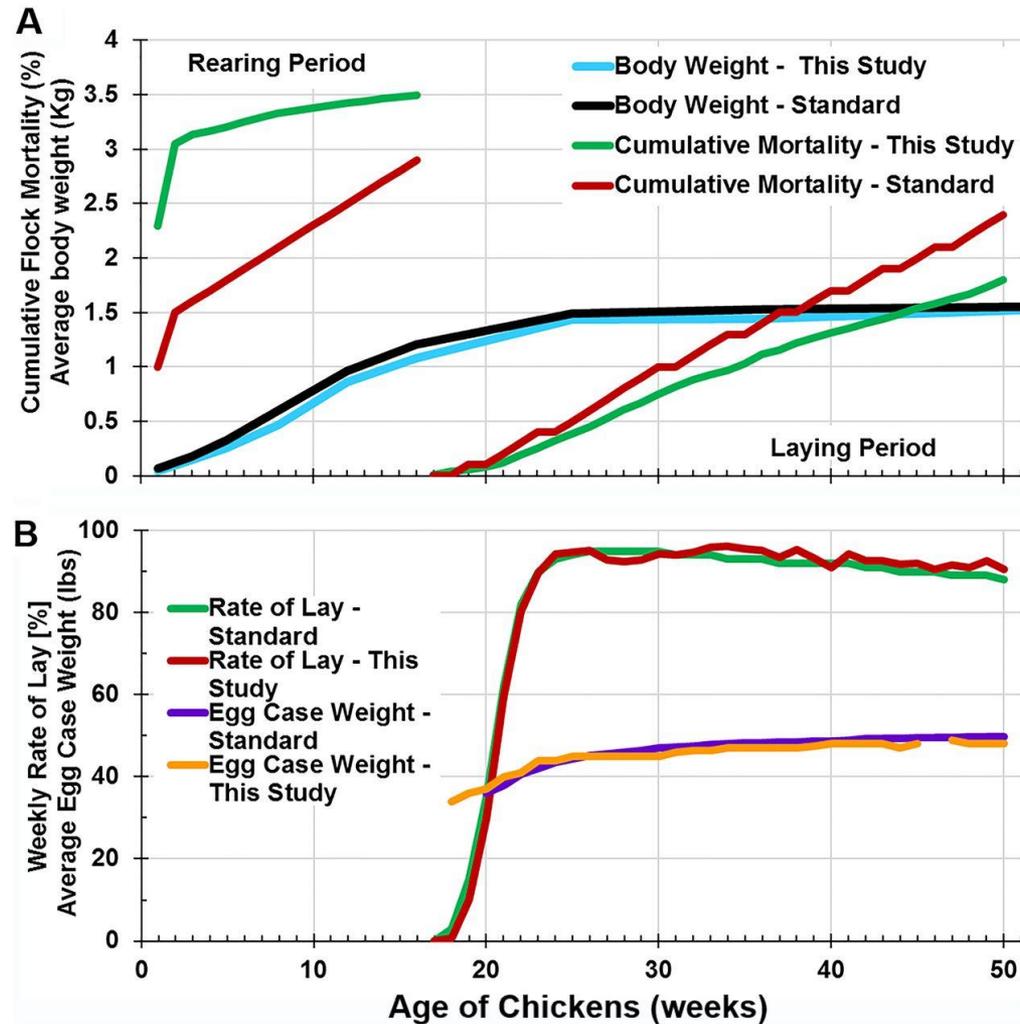
^cMolecular & Cellular Imaging Center, Ohio Agricultural Research and Development Center, The Ohio State University, Wooster, Ohio, USA

^dDepartment of Veterinary and Biomedical Sciences, University of Minnesota, Saint Paul, Minnesota, USA

^eMid-Central Research and Outreach Center, University of Minnesota, Willmar, Minnesota, USA

ABSTRACT The digestive and respiratory tracts of chickens are colonized by bacteria that are believed to play important roles in the overall health and performance of the birds. Most of the current research on the commensal bacteria (microbiota) of

Comparison of observed flock mortality and egg production with the expected performance based on the genetic potential of Hy-Line W-36 layers.

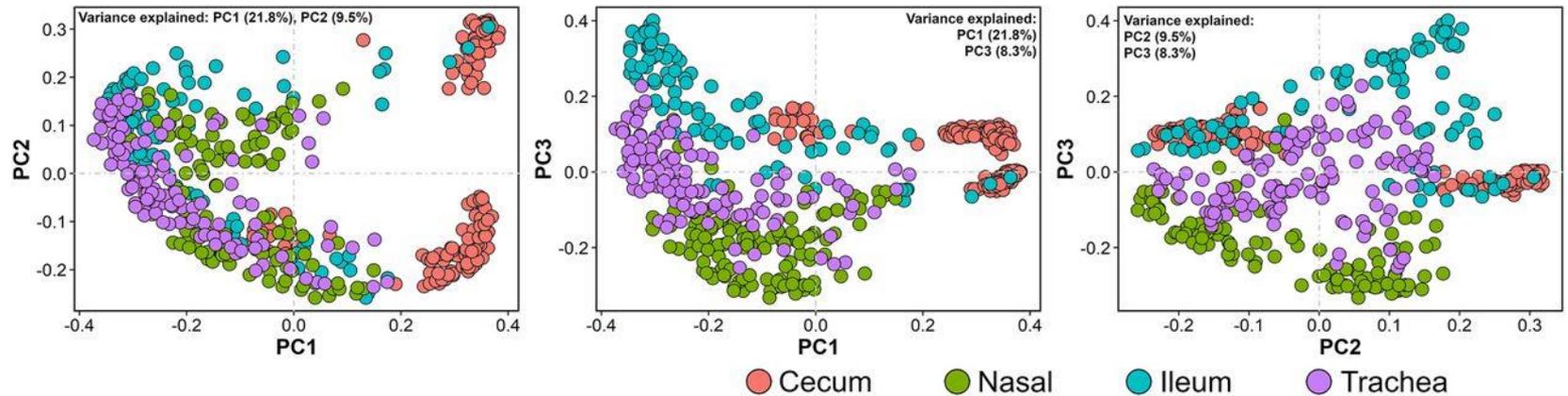


John M. Ngunjiri et al. *Appl. Environ. Microbiol.* 2019;
doi:10.1128/AEM.03137-18

ECOLOGIA

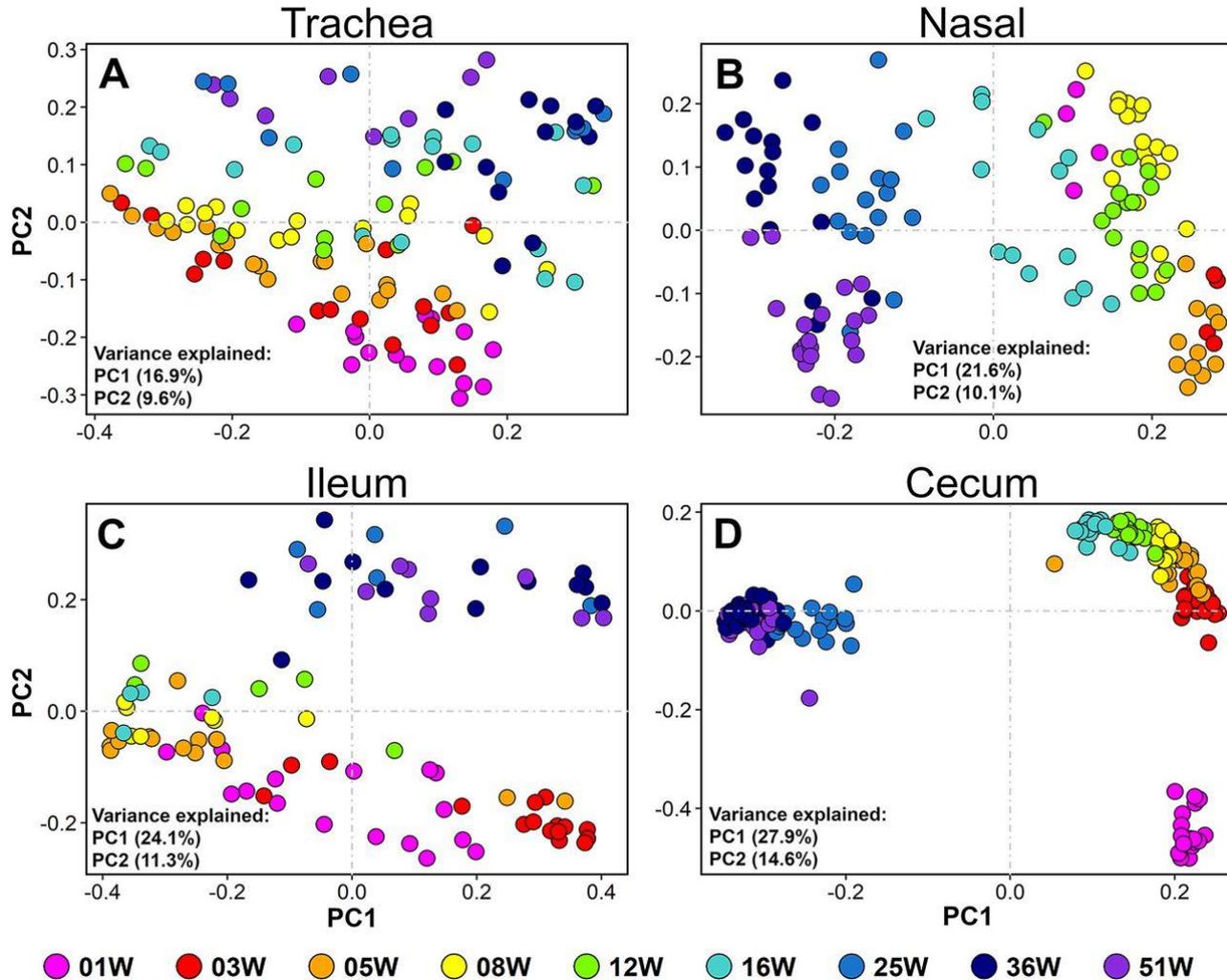
Avaliando as comunidades bacterianas dos diversos órgãos observamos que os microorganismos da microbiota respiratória diferem dos encontrados na microbiota intestinal.

Relação entre as comunidades bacterianas amostradas dos sistemas respiratório e intestinal.



John M. Ngunjiri et al. *Appl. Environ. Microbiol.* 2019;
doi:10.1128/AEM.03137-18

Mudança da estrutura da comunidade bacteriana com relação a idade das aves.

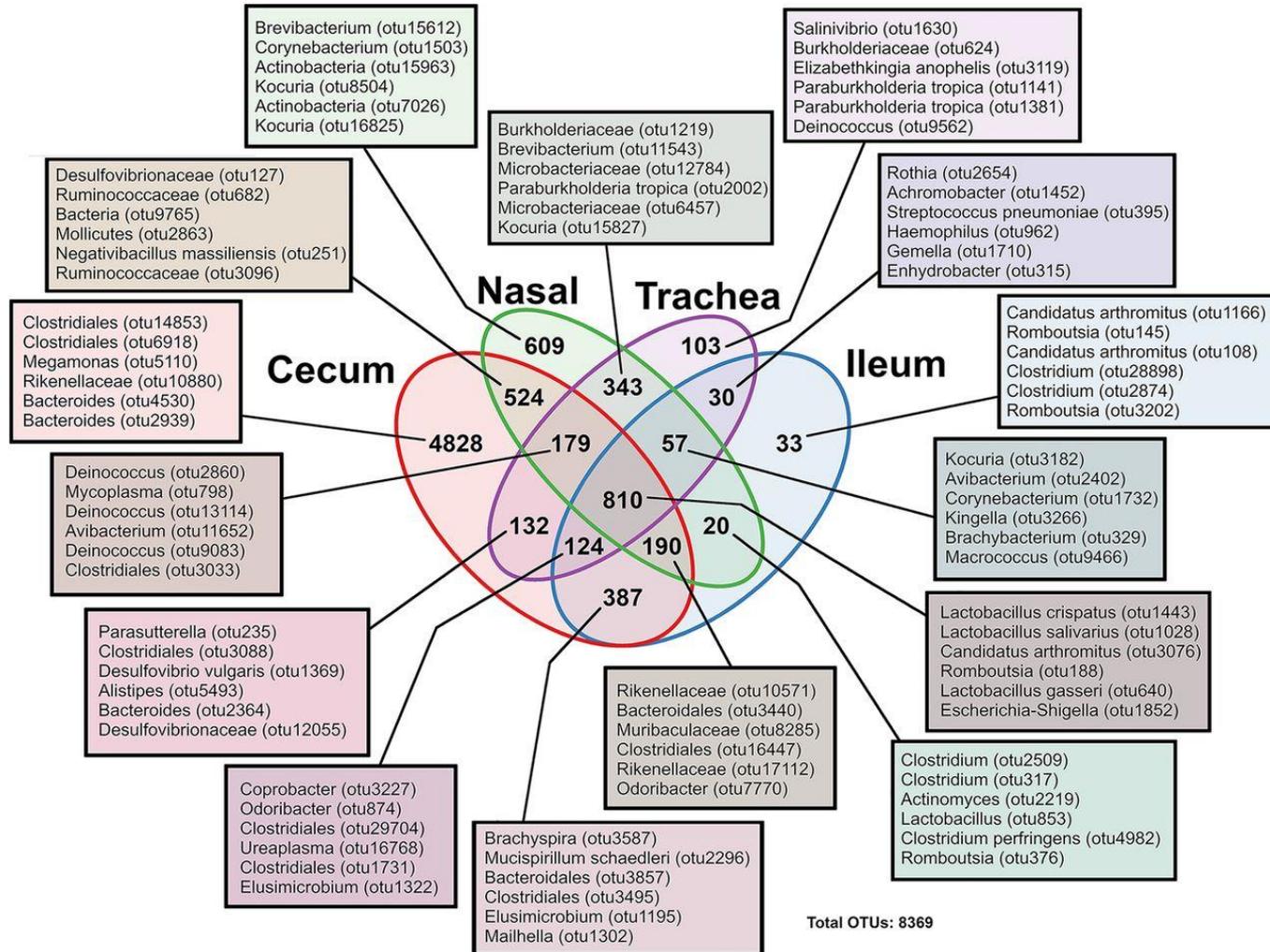


John M. Ngunjiri et al. *Appl. Environ. Microbiol.* 2019;
doi:10.1128/AEM.03137-18

TAXONOMIA

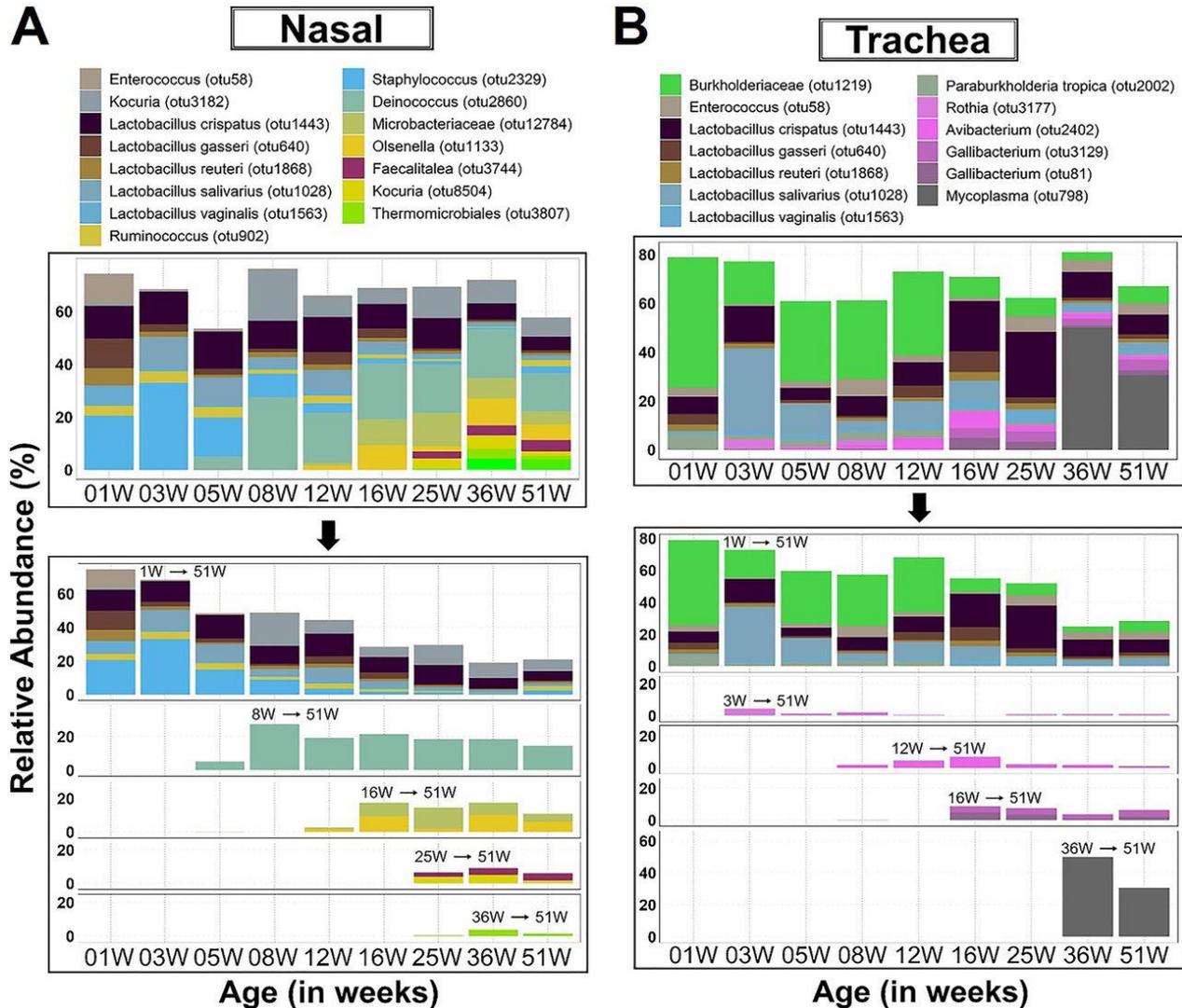
Lactobacilos, Clostrídios e Enterobactérias estavam presentes em todos os órgãos analisados.

Diagrama que representa o número de Unidades Taxonomicas Operacionais (UTOs) que foram partilhados entre locais do corpo ou única para um dado local do corpo

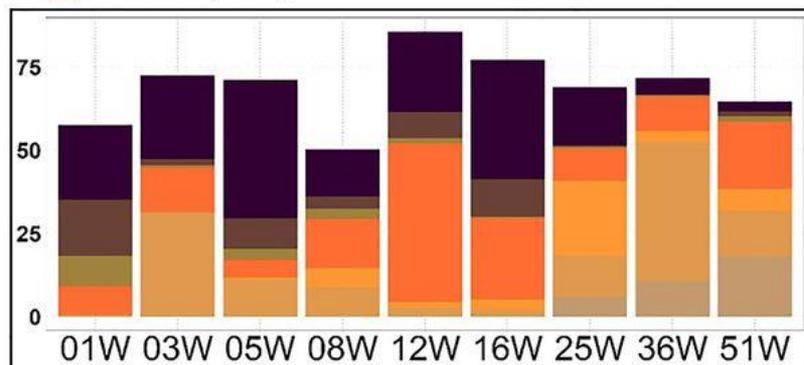
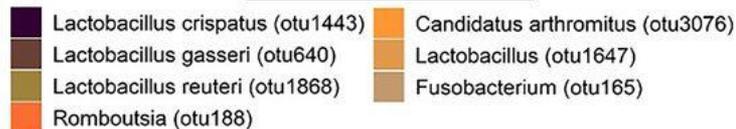


John M. Ngunjiri et al. Appl. Environ. Microbiol. 2019;
doi:10.1128/AEM.03137-18

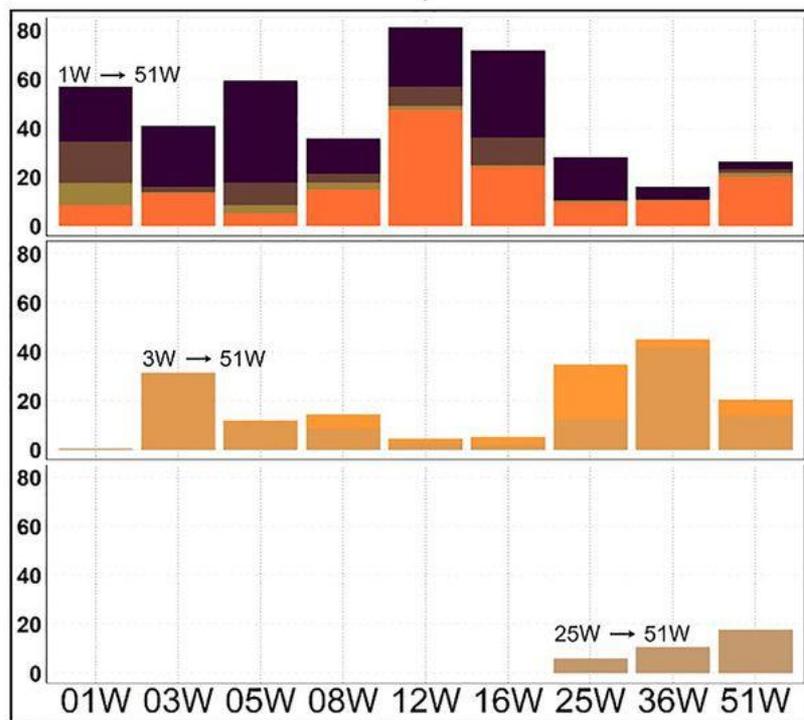
Dynamics of core respiratory microbiota across age groups.



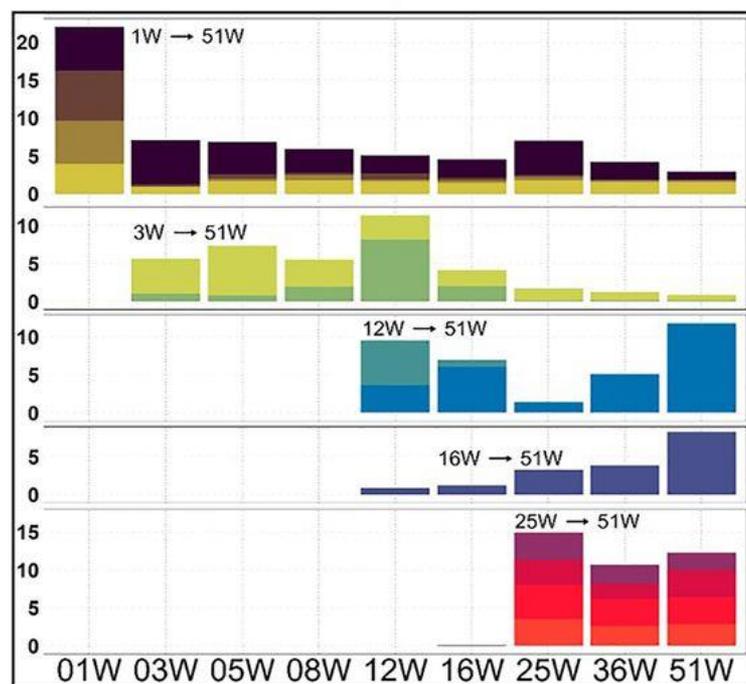
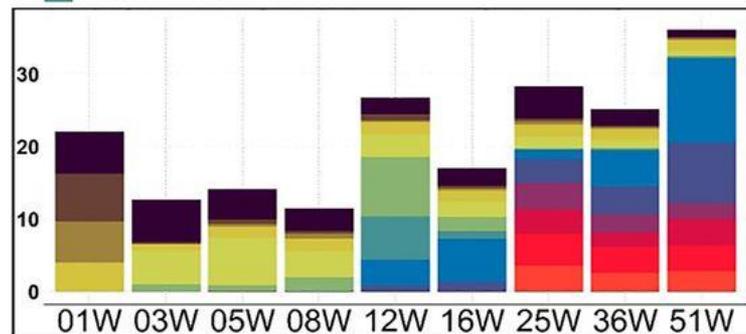
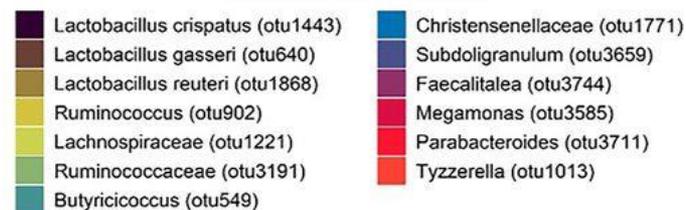
John M. Ngunjiri et al. *Appl. Environ. Microbiol.* 2019;
doi:10.1128/AEM.03137-18

A**Ileum**

Relative Abundance (%)

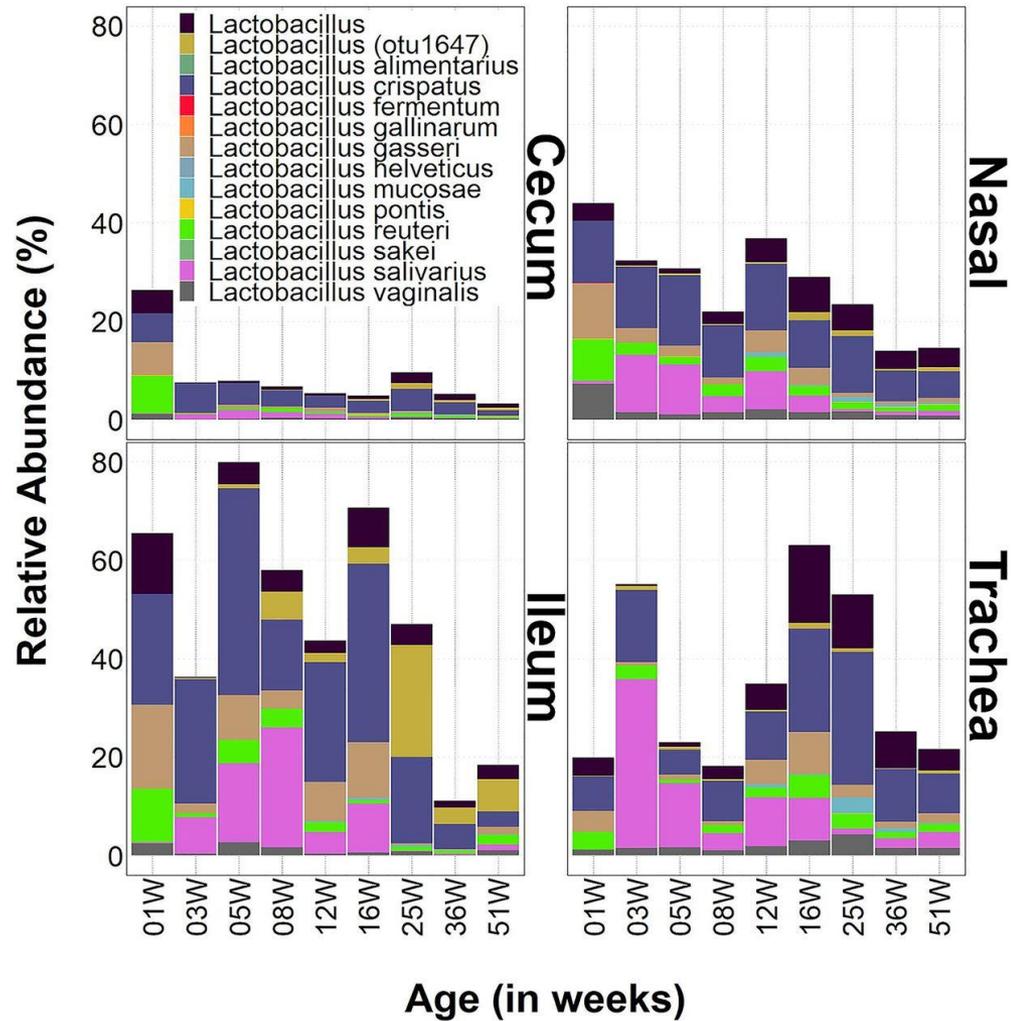


Age (in weeks)

B**Cecum**

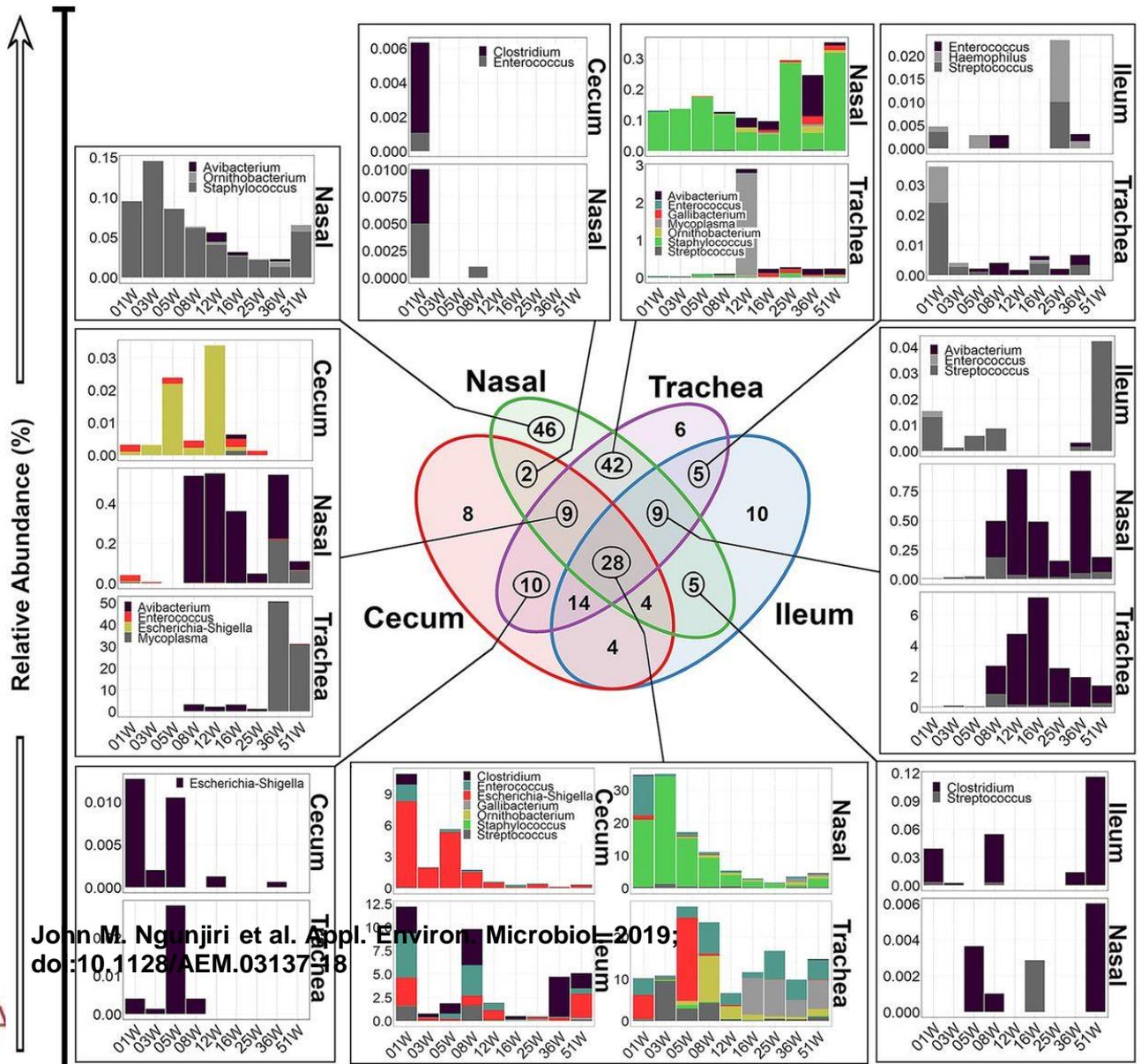
Age (in weeks)

Ecology of *Lactobacillus* in URT and LIT sites.



Age (in weeks)
 John M. Ngunjiri et al. *Appl. Environ. Microbiol.* 2019;
 doi:10.1128/AEM.03137-18

Age- and farm stage-related changes in the compositions of ten genera with known pathogens of poultry.



John M. Nganjiri et al. *Appl. Environ. Microbiol.* 2019; doi:10.1128/AEM.03137-18

Considerações Finais

- O conhecimento da microbiota respiratória das aves permitirá a realização de intervenções que auxiliarão na prevenção e controle diversas enfermidades das aves;
- A avaliação da microbiota poderá ser utilizada para termos alimentos mais seguros.



Sadio
não Infectado



Sete dias pós
infecção por MG