

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
FACULDADE DE MEDICINA VETERINÁRIA E ZOOTECNIA

INFLUÊNCIA DOS SISTEMAS DE PRODUÇÃO DE CARNE DE FRANGO
CONVENCIONAL E *ANTIBIOTIC-FREE* NA DETERMINAÇÃO DO PERFIL DE
RESISTÊNCIA AOS ANTIBIÓTICOS EM ISOLADOS DE *SALMONELLA* SPP.,
ESCHERICHIA COLI E *ENTEROCOCCUS* SPP.

PATRÍCIA REGINA LOPES MELO

Botucatu
2025

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
FACULDADE DE MEDICINA VETERINÁRIA E ZOOTECNIA

INFLUÊNCIA DOS SISTEMAS DE PRODUÇÃO DE CARNE DE FRANGO
CONVENCIONAL E *ANTIBIOTIC-FREE* NA DETERMINAÇÃO DO PERFIL DE
RESISTÊNCIA AOS ANTIBIÓTICOS EM ISOLADOS DE *SALMONELLA* SPP.,
ESCHERICHIA COLI E *ENTEROCOCCUS* SPP.

PATRÍCIA REGINA LOPES MELO

Dissertação apresentada junto ao
Programa de Pós-graduação em Medicina
Veterinária para obtenção de título do
Mestre.

Orientador: Prof. Dr. Juliano Gonçalves Pereira
Coorientador: Prof. Dr. Fábio Sossai Possebon

Botucatu
2025

M528i	Melo, Patrícia Regina Lopes Influência dos sistemas de produção de carne de frango convencional e antibiotic-free na determinação do perfil de resistência aos antibióticos em isolados de <i>Salmonella</i> spp., <i>Escherichia coli</i> e <i>Enterococcus</i> spp. / Patrícia Regina Lopes Melo. -- Botucatu, 2025 77 f. : il., tabs. Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Botucatu Orientador: Juliano Gonçalves Pereira Coorientador: Fábio Sossai Possebon 1. Frango de corte. 2. Resistência antimicrobiana. 3. Enterobactérias. 4. Segurança dos alimentos. I. Título.
-------	--

IMPACTO POTENCIAL DESTA PESQUISA

Título da Dissertação: Influência dos sistemas de produção de carne de frango convencional e *antibiotic-free* na determinação do perfil de resistência aos antibióticos em isolados de *Salmonella* spp., *Escherichia coli* e *Enterococcus* spp.

Impacto científico esperado: O estudo contribui para o avanço do conhecimento sobre a resistência antimicrobiana em sistemas de produção avícola, comparando a produção convencional (com antibiótico) e *antibiotic-free* (livre de antibióticos). As descobertas permitirão uma melhor compreensão da disseminação de microrganismos multirresistentes e subsidiarão a adoção de práticas produtivas mais seguras e sustentáveis, além de contribuir com estratégias para reduzir o uso indiscriminado de antibióticos.

Impacto social: Os resultados desta pesquisa terão relevância para a saúde pública, uma vez que a redução da presença de bactérias resistentes nos alimentos pode impactar positivamente o consumidor final, diminuindo a exposição a microrganismos prejudiciais à saúde humana.

Impacto econômico: A análise comparativa entre os dois sistemas de produção oferece informações para o setor produtivo, especialmente no que diz respeito aos possíveis benefícios das práticas livres de antibióticos. Ao demonstrar a possível eficácia do sistema *antibiotic-free*, o estudo poderá auxiliar na implementação de sistemas mais eficientes.

POTENTIAL IMPACT OF THIS RESEARCH

Dissertation: Influence of conventional and antibiotic-free poultry meat production systems on the determination of antibiotic resistance profiles in isolates of *Salmonella* spp., *Escherichia coli*, and *Enterococcus* spp.

Expected Scientific Impact: The study contributes to advancing knowledge about antimicrobial resistance in poultry production by comparing conventional (with antibiotic) and antibiotic-free systems. The findings will provide a better understanding of the spread of multidrug-resistant microorganisms and will support the adoption of safer and more sustainable production practices, in addition to contributing to strategies to reduce the indiscriminate use of antibiotics.

Social Impact: The results of this research will be relevant to public health, as reducing the presence of resistant bacteria in food can positively impact the end consumer, decreasing exposure to microorganisms potentially harmful to human health.

Economic Impact: The comparative analysis between the two production systems provides valuable information to the poultry industry, especially regarding the potential benefits of antibiotic-free practices. By demonstrating the efficacy of the antibiotic-free system, the study may assist in the implementation of more efficient systems.

Nome do Autor: Patrícia Regina Lopes Melo

Título: INFLUÊNCIA DOS SISTEMAS DE PRODUÇÃO DE CARNE DE FRANGO CONVENCIONAL E *ANTIBIOTIC-FREE* NA DETERMINAÇÃO DO PERFIL DE RESISTÊNCIA AOS ANTIBIÓTICOS EM ISOLADOS DE *SALMONELLA* SPP., *ESCHERICHIA COLI* E *ENTEROCOCCUS* SPP.

COMISSÃO EXAMINADORA

Prof. Dr. Juliano Gonçalves Pereira

Presidente e Orientador

Departamento de Produção Animal e Medicina Veterinária Preventiva

FMVZ – UNESP – Botucatu

Prof. Dr. Leonardo Ereno Tadielo

Membro

Departamento de Produção Animal e Alimentos

Centro de Ciências Agroveterinárias

UDESC – Universidade do Estado de Santa Catarina

Prof. Dra. Camilla Michele Appolinário

Membro

Departamento de Produção Animal e Medicina Veterinária Preventiva

FMVZ – UNESP – Botucatu

Data da defesa: 21/02/2025

AGRADECIMENTOS

Agradeço profundamente à minha família, especialmente aos meus pais, Osório e Edna, pelo amor, paciência e apoio incondicional. À minha irmã e melhor amiga, Ana, por ser o maior presente que Deus me deu. A Katara e o Alex, que, com suas companhias, sempre trouxeram conforto, alegria e amor. Este trabalho é dedicado a todos vocês.

Sou imensamente grata à equipe que esteve ao meu lado durante todo esse período: Manu, Mirella, Evelyn, Gabriella, Wanderson, Gean, Leonardo e Nayara. Agradeço por cada apoio, ensinamento e pela amizade que tornaram ainda mais especial essa jornada. Agradeço também a todos que, de alguma maneira, participaram deste projeto. Foram centenas de horas na bancada do laboratório, e tantas pessoas passaram por esse caminho, deixando suas contribuições.

Agradeço à Nossa Senhora e Mãe Oxum pela proteção e por me guiarem em momentos de incerteza, renovando minha fé e esperança. Foi um caminho longo, cheio de desafios, mas também de aprendizados e crescimento.

Quero também dedicar este trabalho às minhas avós (*in memoriam*), que sempre acreditaram em mim e nunca duvidaram de que eu seria capaz de chegar até aqui. Carrego comigo o amor e a confiança que sempre depositaram em mim.

Agradeço ao meu orientador, Professor Juliano Gonçalves Pereira, pela oportunidade de participar de um projeto tão importante, por sua orientação e incentivo. Igualmente, sou grata ao meu coorientador, Professor Fábio Possebon, pelo suporte, pelas valiosas contribuições à minha dissertação e pelos conselhos.

À FAPESP – Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (Processos nº 2023/01185-6, 2022/03062-6 e 23/01195-1).

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

MELO, PATRÍCIA REGINA LOPES. Influência dos sistemas de produção de carne de frango convencional e *antibiotic-free* na determinação do perfil de resistência aos antibióticos em isolados de *Salmonella* spp., *Escherichia coli* e *Enterococcus* spp. Dissertação (Mestrado) – Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Campus de Botucatu, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” (UNESP). 77 p.

RESUMO

A cadeia produtiva de frango de corte tem um papel fundamental na economia do Brasil, sendo o país um dos maiores produtores e exportadores mundiais de carne de frango. No entanto, a resistência antimicrobiana é uma preocupação crescente para a saúde pública e está diretamente relacionada ao uso de antimicrobianos na produção animal. O aumento da demanda por sistemas de produção sem o uso de antibióticos reforça a necessidade de estudos comparativos sobre os perfis de resistência bacteriana nesses sistemas. Este estudo avaliou a prevalência e o perfil de resistência antimicrobiana de isolados de *Salmonella* spp. (n=186), *Escherichia coli* (n=1000) e *Enterococcus* spp. (n=527) em sistemas convencionais e *antibiotic-free* de produção de frangos de corte no Brasil. Foram coletadas amostras (n=1079) ao longo do ciclo de produção em duas empresas do estado de São Paulo, uma operando no sistema convencional e outra no sistema *antibiotic-free*. As coletas ocorreram antes do alojamento, durante o ciclo de produção, no fim do alojamento, no abate e no processamento, abrangendo amostras da granja (água, ração, insetos, swabs de arraste, swabs cloacais e amostras ambientais) e do abatedouro (swabs de superfície e utensílios, enxágue de carcaças e ceco). As amostras foram submetidas à detecção bacteriana e a testes de sensibilidade a antimicrobianos de diversas classes, sendo que isolados resistentes a três ou mais classes foram classificados como multidroga-resistentes (MDR). O sistema convencional apresentou maior prevalência de *Salmonella* spp. e *E. coli*, enquanto *Enterococcus* spp. foi mais prevalente no sistema *antibiotic-free*. Altos níveis de resistência foram observados em ambos os sistemas. No sistema convencional, 99,13% (229/231) dos isolados de *Enterococcus* spp. foram classificados como MDR, enquanto no sistema *antibiotic-free* esse valor foi de 98,99% (293/296).

Para *E. coli*, 95,2% (482/504) dos isolados no sistema convencional e 70,63% (348/496) no *antibiotic-free* apresentaram resistência a três ou mais classes de antimicrobianos. Para *Salmonella* spp., 99,4% (183/186) dos isolados no sistema convencional foram classificados como MDR, enquanto no sistema *antibiotic-free* esse índice foi de 50% (1/2). A resistência observada incluiu antimicrobianos de importância crítica para a medicina humana e veterinária, como as cefalosporinas de terceira geração. Esses achados reforçam a necessidade de políticas rigorosas para o controle e uso prudente de antimicrobianos na produção avícola, visando minimizar os impactos na saúde pública e animal.

Palavras-chave: Resistência bacteriana, Enterobactérias, Produção avícola.

MELO, PATRÍCIA REGINA LOPES. Influence of conventional and *antibiotic-free* broiler production systems on the determination of antibiotic resistance profiles in *Salmonella* spp., *Escherichia coli*, and *Enterococcus* spp. Msc. Degree Qualification – Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Campus Botucatu, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” (UNESP). 77 p.

ABSTRACT

The broiler production chain plays a fundamental role in the Brazilian economy, as the country is one of the world's largest producers and exporters of chicken meat. However, antimicrobial resistance is a growing concern for public health and is directly related to the use of antimicrobials in animal production. The increasing demand for antibiotic-free production systems highlights the need for comparative studies on bacterial resistance profiles in these systems. This study evaluated the prevalence and antimicrobial resistance profiles of *Salmonella* spp. (n=186), *Escherichia coli* (n=1000), and *Enterococcus* spp. (n=527) isolates in conventional and antibiotic-free broiler production systems in Brazil. Samples (n=1079) were collected throughout the production cycle from two companies in the state of São Paulo, one operating under a conventional system and the other under an antibiotic-free system. Sampling occurred before bird placement, during the production cycle, at the end of rearing, during slaughter, and processing, covering farm samples (water, feed, insects, drag swabs, cloacal swabs, and environmental samples) and slaughterhouse samples (surface and utensil swabs, carcass rinses, and ceca). Samples were subjected to bacterial detection and antimicrobial susceptibility testing for various drug classes, with isolates resistant to three or more classes classified as multidrug-resistant (MDR). The conventional system showed a higher prevalence of *Salmonella* spp. and *E. coli*, while *Enterococcus* spp. was more prevalent in the antibiotic-free system. High levels of resistance were observed in both systems. In the conventional system, 99.13% (229/231) of *Enterococcus* spp. isolates were classified as MDR, compared to 98.99% (293/296) in the antibiotic-free system. For *E. coli*, 95.2% (482/504) of isolates in the conventional system and 70.63% (348/496) in the antibiotic-free system exhibited resistance to three or more antimicrobial classes.

For *Salmonella* spp., 99.4% (183/186) of isolates in the conventional system were classified as MDR, whereas in the antibiotic-free system, this rate was 50% (1/2). The observed resistance included critically important antimicrobials for both human and veterinary medicine, such as third-generation cephalosporins. These findings reinforce the need for strict policies to control and promote the prudent use of antimicrobials in poultry production to minimize impacts on public and animal health.

Keywords: Antimicrobial resistance, Enterobacteriaceae, Poultry production.

LISTA DE FIGURAS

FIGURA 1 - Mapa de calor com as porcentagens de resistência fenotípica a antimicrobianos, em isolados de *E. coli* distribuídos por sistema de produção de frango de corte (convencional e *antibiotic-free*) do estado de São Paulo e por etapa do sistema de produção.55

FIGURA 2 - Mapa de calor com as porcentagens de resistência fenotípica a antimicrobianos, em isolados de *Enterococcus* spp. distribuídos por sistema de produção de frango de corte do estado de São Paulo (convencional e *antibiotic-free*) e por etapa do sistema de produção.56

LISTA DE TABELAS

TABELA 1 - Frequência de microrganismos (<i>Salmonella</i> spp., <i>E. coli</i> e <i>Enterococcus</i> spp.) em amostras provenientes de sistemas de produção de frango de corte convencional e antibiotic-free no estado de São Paulo.....	46
TABELA 2 - Distribuição das frequências absolutas e relativas de <i>Salmonella</i> spp., <i>Escherichia coli</i> e <i>Enterococcus</i> spp. por tipo de amostra e sistema de produção de frango de corte (convencional e antibiotic-free) do estado de São Paulo.....	47
TABELA 3 - Distribuição do número de isolados resistentes e percentuais de resistência para cada antibiótico testado em <i>Salmonella</i> spp., <i>Escherichia coli</i> e <i>Enterococcus</i> spp. isolados da cadeia produtiva de frango dos sistemas convencional e antibiotic-free.....	50
TABELA 4 - Perfis de multirresistência a antimicrobianos mais frequentes em isolados de <i>Salmonella</i> spp., <i>Escherichia coli</i> e <i>Enterococcus</i> spp. provenientes de amostras de sistemas de produção de frango de corte convencional e antibiotic-free no estado de São Paulo.	52

LISTA DE QUADROS

QUADRO 1 - Distribuição de amostras coletadas durante o período de 01/02/2023 a 20/07/2024 em granjas e abatedouros convencionais e *antibiotic-free*.....24

QUADRO 2 - Genes alvo utilizados para a confirmação molecular de isolados de *Salmonella* spp., *E. coli* e *Enterococcus* spp. em amostras da cadeia de produção de frango.....43

LISTA DE SIGLAS E ABREVIações

ABF – Antibiotic-free

APC – Antibiótico Promotor de Crescimento

ARG – Genes de Resistência aos Antibióticos

CLSI – *Clinical and Laboratory Standards Institute*

DVA – Doenças Veiculadas por Alimentos

ESBL – Beta-Lactamase de Espectro Estendido

ISO – *International Organization for Standardization*

MAPA – Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento

MDR – Multidroga Resistente

OGM – Organismo Geneticamente Modificado

OIE – Organização Mundial de Saúde Animal

OMS – Organização Mundial da Saúde

SUMÁRIO

CAPÍTULO 1.....	18
1 INTRODUÇÃO.....	19
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	21
2.1 A PRODUÇÃO DE FRANGO DE CORTE NO BRASIL	21
2.2 ANTIBIÓTICOS COMO PROMOTORES DE CRESCIMENTO.....	23
2.3 PRODUÇÃO CONVENCIONAL DE FRANGO	24
2.4 PRODUÇÃO ANTIBIOTIC-FREE	25
2.5 PREOCUPAÇÕES COM RELAÇÃO À RESISTÊNCIA BACTERIANA.....	27
2.6 <i>Salmonella</i> spp.	28
2.7 <i>Escherichia coli</i>	29
2.8 <i>Enterococcus</i> spp.	30
2.9 MECANISMOS DE RESISTÊNCIA MICROBIANA	32
3 OBJETIVOS	35
3.1 OBJETIVO GERAL	35
3.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS	35
CAPÍTULO 2.....	36
1 INTRODUÇÃO.....	38
2 MATERIAIS E MÉTODOS	39
2.1 ASPECTOS ÉTICOS.....	39
2.2 COLETA DE AMOSTRAS	40
2.3 ISOLAMENTO DE <i>Salmonella</i> spp.....	42
2.4 ISOLAMENTO DE <i>E. coli</i>	42
2.5 ISOLAMENTO DE <i>Enterococcus</i> spp.....	42
2.6 CONFIRMAÇÃO MOLECULAR	43
2.7 PERFIL DE RESISTÊNCIA AOS ANTIMICROBIANOS.....	43
3 RESULTADOS	45
3.1 PRESENÇA DE <i>Salmonella</i> spp., <i>Escherichia coli</i> e <i>Enterococcus</i> spp.	45
3.1.1 Sazonalidade	45
3.1.2 Sistema de produção	45
3.1.3 Etapas e tipos de amostras por sistema	46
3.2 RESISTÊNCIA MICROBIANA	48
3.2.1 Resistência aos antimicrobianos	48
3.2.2 Perfis de resistência de maior frequência	52
3.2.3 Multirresistência.....	56

4	DISCUSSÃO	58
4.1	PRESENÇA DE MICRORGANISMOS DE IMPORTÂNCIA NA CADEIA DE PRODUÇÃO	58
4.2	RESISTÊNCIA ANTIMICROBIANA EM <i>Salmonella</i> spp.....	61
4.3	RESISTÊNCIA ANTIMICROBIANA EM <i>E. coli</i>	63
4.4	RESISTÊNCIA ANTIMICROBIANA EM <i>Enterococcus</i> spp.....	65
5	CONCLUSÃO	67
6	REFERÊNCIAS	68
	CAPÍTULO 3.....	76
1	CONSIDERAÇÕES FINAIS	77

CAPÍTULO 1

1 INTRODUÇÃO

Nas últimas décadas, o crescimento na produção e consumo de carne de frango no Brasil impulsionou o setor agroalimentar a buscar soluções para problemas produtivos e a desenvolver inovações tecnológicas (BELUSSO; HESPANHOL, 2010). Nos sistemas de produção convencionais, as linhagens das aves são selecionadas geneticamente com foco em características como o rápido crescimento e eficiência alimentar, visando obter maiores rendimentos no menor tempo possível (AZEVEDO et al., 2016). Os antibióticos, além de tratar infecções, passaram a ser usados para manter a qualidade do trato gastrointestinal dos animais, e empregados como promotores de crescimento. Administrados na ração ou em conjunto com as vacinações, em pequenas concentrações e por períodos mais longos do que as doses terapêuticas ou profiláticas, o uso indiscriminado está altamente relacionado com o aumento da resistência bacteriana (PANDOLFI; MOTA, 2020).

Essa preocupação vai além da saúde animal. Microrganismos multirresistentes, antes predominantes em ambientes hospitalares, agora estão presentes na cadeia de produção de alimentos, alcançando a alimentação humana e transferindo genes de resistência a antibióticos (ARGs) para outras bactérias ou contaminando o ambiente (COSTA; JUNIOR, 2017). Estudos mostram que 73% dos antimicrobianos comercializados globalmente são usados na criação de animais, o que está diretamente relacionado ao aumento de infecções resistentes, impactando não apenas os animais, mas também os humanos. Assim, para reduzir os efeitos negativos para a população, alternativas mais sustentáveis de produção de alimentos precisam ser analisadas (VAN BOECKEL et al., 2019).

A resistência antimicrobiana em bactérias como *Salmonella* spp., *Escherichia coli* e *Enterococcus* spp. é particularmente preocupante, pois estas bactérias estão associadas frequentemente a surtos de infecções alimentares, representando uma ameaça significativa à saúde pública. *Salmonella* spp., é um dos principais agentes de doenças de origem alimentar, podendo infectar humanos por meio da ingestão de carne contaminada ou manipulação inadequada de alimentos (contaminação cruzada). *Escherichia coli*, especialmente cepas patogênicas como *E. coli* O157:H7, causa distúrbios

alimentares graves, incluindo diarreia hemorrágica e síndrome hemolítico-urêmica, com risco de morte em grupos vulneráveis. *Enterococcus* spp., comumente encontrados no trato gastrointestinal de humanos e animais, podem causar infecções graves como bacteremia e endocardite, especialmente em ambientes hospitalares (BROWN et al., 2021; LJUBOJEVIĆ et al., 2016). Neste sentido, estudar formas alternativas de produção de carne de frango, como os sistemas que não utilizam antibióticos durante o ciclo produtivo, como o sistema *antibiotic-free*, pode trazer informações importantes sobre a disseminação de resistência bacteriana na produção de carne, subsidiando a aplicação de ferramentas e ações práticas que podem ser aplicadas na produção convencional de modo a reduzir a transmissão e disseminação de bactérias resistentes ou seus ARGs. A produção *antibiotic-free* envolve criar aves sem o uso de antibióticos em qualquer fase de seu desenvolvimento, por meio da implementação de práticas de manejo rigorosas, incluindo melhoramento genético, nutrição balanceada, biossegurança, uso de vacinas, probióticos e prebióticos, visando manter a saúde das aves e prevenir doenças sem recorrer aos antibióticos (AZEVEDO et al., 2016; SANTOS et al., 2023).

Assim, a crescente demanda por alimentos produzidos de maneira mais sustentável e a urgência em mitigar a resistência bacteriana têm impulsionado a busca por sistemas alternativos de produção. No entanto, ainda existem desafios significativos na implementação desse sistema em larga escala, principalmente em relação à manutenção da saúde animal, bem-estar e controle de patógenos sem o uso de antibióticos. Estudos que comparem a prevalência e a resistência antimicrobiana de patógenos em sistemas convencionais e *antibiotic-free* são essenciais para avaliar os reais impactos dessas estratégias na segurança dos alimentos e na saúde pública. Assim, compreender as implicações do uso de antibióticos na produção animal e as alternativas viáveis é crucial para o desenvolvimento de políticas e práticas que promovam a produção segura e sustentável de alimentos (FLORES; MELO, 2014; MAK et al., 2022).

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 A PRODUÇÃO DE FRANGO DE CORTE NO BRASIL

A produção de frangos de corte é uma das atividades agrícolas mais importantes do Brasil, o que coloca o país como um dos mais importantes produtores de carne de frango do mundo. O rápido crescimento da avicultura no Brasil começou na década de 1960 com a adoção de novas tecnologias e raças de aves mais produtivas, possibilitando que o setor crescesse ainda mais nas décadas seguintes. Passou a importar, neste período, linhagens de frangos geneticamente melhoradas que são altamente eficientes quanto à conversão alimentar. Além disso, a adoção de sistemas de confinamento intensivo permitiu uma maior densidade de aves por metro quadrado, otimizando o uso de recursos e aumentando a produtividade. Essa evolução foi acompanhada pela mecanização do processo de abate, armazenamento e transporte, o que garantiu uma cadeia produtiva mais eficiente e a expansão do setor para mercados internacionais (MEDINA; CAFÉ; OLIVEIRA, 2020; RODRIGUES et al., 2014).

Alguns fatores, como as condições climáticas e grande produção de grãos voltada à alimentação animal, impulsionaram o crescimento contínuo da produção no país. As principais regiões produtoras incluem o Sul e o Sudeste, com destaque para os estados do Rio Grande do Sul e Paraná, que juntos representam uma parte significativa da produção nacional. Além disso, a produção avícola brasileira utiliza tecnologias avançadas, como sistemas de integração vertical, que permitem o controle eficiente de toda a cadeia produtiva, desde a reprodução até a comercialização, garantindo alta eficiência e padronização na produção (SOUZA et al., 2021).

A produção no Brasil é marcada pela alta tecnificação, especialmente no que se refere ao controle sanitário e ao uso de genética avançada. A introdução de programas de melhoramento genético possibilita que as aves produzidas sejam mais eficientes na conversão alimentar e no ganho de peso, reduzindo o tempo de engorda e, conseqüentemente, os custos de produção. Esses avanços, aliados a um rigoroso controle de sanidade animal, ajudam a manter a produção de frango brasileira em níveis elevados de qualidade e segurança (LENTZ, 2022; RODRIGUES; YADA, 2018).

Os sistemas de produção variam entre os modelos convencionais, caipira e sistemas livres de antibióticos (*antibiotic-free*). A integração vertical, predominante no Brasil, permite que empresas forneçam pintainhos, ração e assistência técnica, enquanto os avicultores são responsáveis pelos animais da criação ao abate, assegurando a padronização e eficiência no processo produtivo. O setor avícola brasileiro é internacionalmente reconhecido pela qualidade dos produtos e pelos rigorosos controles sanitários implementados, que garantem maior segurança microbiológica dos produtos exportados. Como consequência, o Brasil é um dos principais exportadores de carne de frango, atendendo a vários mercados internacionais, como China, União Europeia e países do Oriente Médio (MAK et al., 2022; PAULINO et al., 2019).

A competitividade do frango brasileiro no mercado internacional é impulsionada por diversos fatores, como o baixo custo de produção, a eficiência dos sistemas produtivos e a grande disponibilidade de insumos, mas a sustentabilidade desse sistema de produção tem se tornado tema crescente na avicultura. Ações voltadas à redução do impacto ambiental e à promoção do bem-estar animal estão sendo cada vez mais implementadas, refletindo nas práticas de manejo e inovações tecnológicas adotadas na área (FEIL et al., 2019). Práticas importantes como a redução da densidade dentro das granjas, o uso de enriquecimento ambiental, a melhoria das condições de transporte dos animais e o abate humanitário têm sido adotadas para garantir que essas necessidades sejam respeitadas (LENTZ, 2022; PAULINO et al., 2019).

Além das iniciativas voltadas para o bem-estar animal, o uso de antibióticos na avicultura de corte tem ganhado destaque nas discussões sobre sustentabilidade e segurança alimentar. Embora o Brasil seja pioneiro na implementação de sistemas *antibiotic-free*, o uso de antibióticos como promotores de crescimento ainda é uma prática comum nos sistemas convencionais, e a crescente preocupação com o desenvolvimento de resistência bacteriana, tanto entre consumidores quanto entre agências reguladoras, têm alavancado a busca por alternativas que visam a saúde animal e a segurança de alimentos (LENTZ, 2022; RODRIGUES; YADA, 2018).

2.2 ANTIBIÓTICOS COMO PROMOTORES DE CRESCIMENTO

Na produção convencional, o uso de antibióticos como promotores de crescimento (APCs) tem sido uma prática comum devido aos benefícios na eficiência produtiva. Esses medicamentos aceleram o ganho de peso das aves e melhoram a conversão alimentar, o que aumenta a lucratividade e possibilita oferecer um produto final a preços mais baixos. Entretanto, a crescente conscientização sobre os impactos dos APCs na saúde pública e no meio ambiente tem levado a maior demanda por produtos rotulados como “sem antibióticos” ou “criados sem antibióticos” (AGYARE et al., 2016; SCHERER; BOTONI; COSTA-VAL, 2016).

No Brasil, a utilização de antibióticos promotores de crescimento (APCs) é amplamente adotada e desempenha um papel importante no desenvolvimento e na competitividade da indústria avícola. Esses antibióticos são utilizados para promover o crescimento e melhorar a eficiência alimentar dos frangos, contribuindo para a redução do tempo de produção e aumento da produtividade. Essa prática tem sido essencial para garantir a oferta de carne de frango acessível e de qualidade, atendendo tanto à demanda interna quanto às exigências de exportação. O uso indiscriminado e prolongado na produção animal é apontado como um dos principais contribuintes para a emergência e disseminação de bactérias resistentes. Quando antibióticos são usados de forma contínua em doses subterapêuticas, como ocorre com os APCs, pode ocorrer pressão seletiva de isolados bacterianos resistentes, que podem ser transmitidas aos humanos através do consumo de carne contaminada, contato com os animais ou com o ambiente. Além dos riscos para a saúde humana, a resistência bacteriana também traz desafios para a saúde animal. Bactérias resistentes podem se disseminar rapidamente entre os animais de uma granja, dificultando o controle de surtos de doenças, aumentando a mortalidade, a queda na produção e os custos com tratamentos veterinários (AGYARE et al., 2016; LENTZ, 2022; SCHERER; BOTONI; COSTA-VAL, 2016).

Muitos países têm implementado regulamentos e normativas mais rigorosos sobre o uso dos APCs na produção animal. No Brasil, a legislação sobre o uso de antibióticos em animais de produção foi progressivamente ficando mais rígida ao longo dos últimos anos. O Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) tomou medidas contínuas para restringir o uso de

antimicrobianos como promotores de crescimento, refletindo a crescente preocupação com a resistência antimicrobiana.

Em 2020 foi promulgada a Instrução Normativa SDA nº 1, que proibiu a fabricação, comercialização e utilização de vários antimicrobianos como promotores de crescimento. Entre os antibióticos incluídos estão a tilosina, a lincomicina, a tiamulina e a virginiamicina, todos classificados como de grande importância para a medicina humana e veterinária. Essa proibição está alinhada com recomendações internacionais, como as da Organização Mundial da Saúde (OMS) e da Organização Mundial de Saúde Animal (OIE), que visam preservar a eficácia dos antibióticos críticos ao reduzir seu uso na produção animal. Além disso, essas ações refletem os esforços do Brasil em atender aos padrões globais de segurança alimentar e em combater a resistência antimicrobiana, uma das maiores ameaças à saúde pública do século XXI (BRASIL, 2020; PANDOLFI; MOTA, 2020).

No âmbito global, a resistência bacteriana é reconhecida como um problema que exige esforços colaborativos para o desenvolvimento de políticas internacionais que promovam o uso consciente de antibióticos. A adoção de sistemas de produção sem o uso de antibióticos, embora desafiadora em termos técnicos e econômicos, tem sido explorada como alternativa viável para mitigar os efeitos da resistência microbiana (LENTZ, 2022; RAPOSO; DEFENSOR; GRAHL, 2019).

2.3 PRODUÇÃO CONVENCIONAL DE FRANGO

A produção convencional de frango de corte no Brasil é caracterizada pela criação intensiva, fortemente integrada à indústria agropecuária, especialmente em regiões como o Oeste Paranaense. Essa produção depende de alta tecnologia e controle rigoroso do manejo para garantir a produtividade em larga escala. A utilização de sistemas automatizados e práticas avançadas de biossegurança viabiliza que os produtores atendam à crescente demanda por carne de frango. Embora o sistema convencional ofereça vantagens em termos de eficiência produtiva, também enfrenta pressões relacionadas à sustentabilidade e às novas exigências do mercado. O uso intensivo de recursos e a superlotação nas granjas são questões frequentemente discutidas, exigindo melhorias contínuas nas práticas de manejo (BELUSSO; HESPANHOL, 2010)

O uso de APCs nesse sistema está ligado com a aceleração do crescimento das aves, permitindo ciclos de produção mais curto e ágeis, melhora na conversão alimentar diminuindo o consumo de ração, redução de doenças subclínicas, que mesmo sem sinais clínicos podem afetar o crescimento das aves, gerando assim uma padronização do produto final com relação a tamanho e qualidade e diminuindo perdas econômicas aos produtores (AGYARE et al., 2016; COSTA et al., 2017).

Em sistemas convencionais, os aviários podem alojar entre 20.000 e 50.000 frangos, com uma densidade média de aproximadamente 15 a 20 aves por metro quadrado. São equipados com sistemas automatizados de alimentação, bebida, ventilação e controle de temperatura, que proporcionam uma gestão eficiente da produção. O ciclo de produção é relativamente curto, com o tempo de crescimento das aves variando entre 35 e 42 dias, com peso ideal para abate que varia entre 2,5 e 3,5 kg, dependendo da genética e das condições de manejo (RODRIGUES; YADA, 2018; SCHMIDT; SILVA, 2017).

Apesar das vantagens econômicas, os sistemas de produção que continuam a usar APCs enfrentam pressões tanto regulatórias quanto de mercado. As exportações para outros mercados, como a União Europeia, já demandam o cumprimento de normas que restringem o uso de antibióticos. Internamente, a mudança nas preferências dos consumidores e a necessidade de atender às exigências de certificações específicas estão forçando os produtores a reconsiderarem suas práticas. O uso contínuo de antibióticos pode mascarar problemas subjacentes de manejo e condições de criação, como superlotação e falta de higiene, que, se não abordados, podem resultar em problemas de saúde a longo prazo e comprometer a sustentabilidade do sistema produtivo (DE ARAÚJO et al., 2022; REGITANO; LEAL, 2010).

2.4 PRODUÇÃO ANTIBIOTIC-FREE

A produção de frangos em sistemas *antibiotic-free* tem crescido e ganhado destaque no Brasil e em outros países, como uma resposta às crescentes preocupações sanitárias. Esse sistema é caracterizado pela criação de aves sem o uso de antibióticos, seja como promotores de crescimento ou para fins terapêuticos, desde o nascimento até o abate. Essa produção tem como característica rigorosos princípios de manejo, incluindo biossegurança, nutrição

adequada, seleção genética e bem-estar animal, todos associados para manter a saúde das aves e garantir a produtividade (BERG, 2001; RODRIGUES; YADA, 2018).

Esse tipo de produção passa por uma rigorosa verificação, com cada certificação seguindo suas próprias regras e regulamentos. Alguns exemplos de certificações incluem a *Certified Humane*, que proíbe o uso de antibióticos e tem grande foco no bem-estar animal; a Orgânico Brasil, certificação brasileira que assegura métodos de produção sustentáveis; e a *No Antibiotics Ever* (NAE), que garante que as aves não foram expostas a antibióticos em nenhuma fase de sua vida (AZEVEDO et al., 2016; DE REZENDE PERETTI; ARAÚJO, 2010).

A biossegurança é um elemento muito importante nesse sistema, e envolve práticas rigorosas que visam prevenir a entrada e disseminação de patógenos. O controle de visitantes, desinfecção de veículos, quarentena de novas aves, e manejo adequado de resíduos e água são ações implementadas nesse tipo de produção. A nutrição também é fundamental, exigindo a oferta de uma dieta equilibrada que favoreça um microbioma intestinal saudável. Aditivos como probióticos, prebióticos, ácidos orgânicos e enzimas são frequentemente utilizados para melhorar a saúde intestinal (LENTZ, 2022; REIS; VIEITES, 2019).

Apesar dos benefícios que esse sistema pode gerar, a produção *antibiotic-free* enfrenta desafios, como o risco de surtos de doenças, que podem aumentar a mortalidade e, conseqüentemente, os custos para os produtores, refletindo num maior valor do preço ao chegar nas gôndolas dos supermercados. Sem antibióticos, as práticas de manejo preventivas precisam ser mais rigorosas e os custos de produção tendem a ser mais altos devido ao uso de aditivos naturais, manejo mais intensivo e cuidados em biossegurança (ALEXANDRINO et al., 2020; AZEVEDO et al., 2016).

Essas ações podem resultar em diferenças significativas no desempenho produtivo em comparação com a produção convencional. Em geral, aves criadas sem antibióticos tendem a ter um ganho de peso ligeiramente menor e uma conversão alimentar menos eficiente, o que pode prolongar o tempo necessário para alcançar o peso de abate, que varia de 38 a 45 dias. Isso pode ocorrer porque, na ausência de antibióticos, as aves podem ser mais suscetíveis a pequenas infecções que, mesmo sem causar sinais clínicos, podem impactar o

crescimento dos animais (ALEXANDRINO et al., 2020; OLIVEIRA; PEREIRA; ZAMBERLAM, 2020).

2.5 PREOCUPAÇÕES COM RELAÇÃO À RESISTÊNCIA BACTERIANA

Com o desenvolvimento da produção de alimentos, as discussões sobre o impacto do uso de antibióticos e a emergência da resistência bacteriana cresceram, refletindo as preocupações globais em saúde pública. O uso indiscriminado de antibióticos na produção animal pode comprometer a saúde das aves e ter implicações diretas na segurança alimentar e na saúde humana, especialmente no contexto das doenças veiculadas por alimentos (DVA) (GOTTARDO et al., 2021; MELO et al., 2018).

Ambientes de produção animal, como granjas e aviários, podem atuar como um reservatório para bactérias resistentes e genes de resistência antimicrobiana (ARGs) (ROSA; SILVA; SOUZA, 2021). Esse ambiente favorece a disseminação de microrganismos resistentes, aumentando o risco de contaminação dos alimentos e, conseqüentemente, a ocorrência de infecções. A presença desses patógenos não só eleva a morbidade e a mortalidade, como também contribui para o aumento dos custos de saúde, decorrentes de tratamentos mais complexos e prolongados (SANTOS et al., 2007; TIAGO et al., 2020).

Na produção avícola, o uso de antibióticos pode favorecer a seleção de bactérias resistentes, comprometendo toda a cadeia produtiva e facilitando a transmissão de microrganismos. Essa transmissão não se restringe às aves, mas também alcança os consumidores finais, ilustrando claramente a necessidade de estratégias integradas de controle. Assim, as práticas produtivas impactam não apenas a saúde das aves e a qualidade dos alimentos consumidos, mas também o equilíbrio ecológico de forma mais ampla (GOTTARDO et al., 2021; MONTORO-DASI et al., 2023).

Entre os microrganismos mais preocupantes, estão *Salmonella* spp. e *E. coli*, responsáveis por infecções intestinais e extra-intestinais, algumas delas graves, como as causadas pelo sorotipo *E. coli* O157:H7. Espécies do gênero *Enterococcus*, como *Enterococcus faecium* e *Enterococcus faecalis*, também se destacam por sua resistência a múltiplos antibióticos, incluindo a vancomicina. Além disso, outros patógenos relevantes no contexto da segurança alimentar e

da resistência antimicrobiana incluem os gêneros *Campylobacter* e *Listeria*. (DALMOLIN et al., 2022; FLORES; MELO, 2014).

2.6 *Salmonella* spp.

Entre os microrganismos de maior relevância na produção avícola, destaca-se o gênero *Salmonella*, que inclui mais de 2.500 sorotipos diferentes, muitos dos quais são patogênicos para humanos e animais. São bactérias gram-negativas, em forma de bastonete, móveis e facultativamente anaeróbias, conhecidas por sua capacidade de causar infecções gastrointestinais e sistêmicas. Essa bactéria foi isolada em 1885 por Daniel Elmer Salmon, e desde então, tornou-se um dos patógenos bacterianos mais estudados e conhecidos por seu impacto significativo na saúde pública e na indústria alimentícia (POPA; POPA, 2021).

No que diz respeito à sua classificação, *Salmonella* spp. é dividida em duas espécies principais: *Salmonella enterica* e *Salmonella bongori*. A espécie *Salmonella enterica* é a mais relevante clinicamente e é subdividida em seis subespécies, sendo a subespécie *enterica* a que contém a maioria dos sorotipos associados a infecções humanas. Além disso, o ciclo de vida e a transmissão da *Salmonella* ocorrem principalmente através da via fecal-oral, contaminando alimentos e água. Seus reservatórios naturais incluem uma variedade de animais, como aves, répteis e mamíferos, sendo os produtos avícolas frequentemente associados a surtos em humanos (BUNCIC; SOFOS, 2012; POPA; POPA, 2021).

Quanto aos sintomas, a infecção por *Salmonella*, conhecida como salmonelose, pode variar de gastroenterite leve a grave, caracterizada por diarreia, febre e cólicas abdominais, até infecções mais severas, como febre tifoide, causada pelo sorotipo *Salmonella* Typhi. É uma das principais causas de doenças veiculadas por alimentos (DVA) em todo o mundo. Estima-se que cause milhões de casos de infecção anualmente, com uma carga significativa de morbidade e mortalidade, particularmente em regiões com sistemas de vigilância e controle menos eficazes (ANTUNES et al., 2016; KHATER et al., 2021).

No Brasil, *Salmonella* é responsável por um número significativo de surtos de DVA, estando frequentemente ligada a produtos avícolas (MIRANDA et al., 2020). Devido à sua capacidade de colonizar o trato gastrointestinal das aves,

muitas vezes sem causar sintomas clínicos evidentes, o que facilita a contaminação durante o processamento dos alimentos (RAPOSO; DEFENSOR; GRAHL, 2019).

A prevenção da infecção por *Salmonella* na cadeia de produção alimentar envolve práticas rigorosas de higiene e biossegurança em todas as etapas do processo. O controle eficaz depende da identificação e mitigação dos pontos críticos de contaminação. A vacinação de aves é uma estratégia importante para reduzir a prevalência da bactéria nas granjas e, assim, diminuir a contaminação dos alimentos. Além disso, inovações tecnológicas, como tratamentos térmicos e métodos de descontaminação (como irradiação e altas pressões hidrostáticas), são essenciais para reduzir a carga de *Salmonella* em produtos alimentares (MIRANDA et al., 2020; RAPOSO; DEFENSOR; GRAHL, 2019).

2.7 *Escherichia coli*

Outro microrganismo de importância é a *Escherichia coli*, uma bactéria gram-negativa, em formato de bastonete, pertencente à família *Enterobacteriaceae*. Amplamente encontrada no intestino, tanto de animais quanto humanos, a maioria dos isolados de *E. coli* não são patogênicos e desempenham um papel importante na microbiota intestinal. No entanto, algumas cepas podem causar doenças graves. Foi descoberta em 1885 em estudos sobre a microbiota intestinal de recém-nascidos e, desde então, se tornou um dos organismos modelo mais estudados na biologia, devido à sua simplicidade e facilidade de cultivo em laboratório (SILVA; MENDES, 2022).

Embora muitas cepas de *E. coli* sejam comensais, algumas são patogênicas e podem causar doenças nos humanos, variando de infecções intestinais leves a doenças graves, como colite hemorrágica e síndrome hemolítico-urêmica. Essas infecções são um problema significativo de saúde pública, especialmente em países em desenvolvimento.

É dividida em várias categorias patogênicas, com base em seus fatores de virulência e manifestações clínicas. As principais incluem *E. coli* enteropatogênica (EPEC), enterotoxigênica (ETEC), enterohemorrágica (EHEC), enteroinvasiva (EIEC) e enteroagregativa (EAEC) (KHATER et al., 2021; MAESTRI et al., 2020).

Dentre essas categorias, o sorogrupo mais conhecido de *E. coli* enterohemorrágica (EHEC) é o O157, responsável por surtos graves de doenças transmitidas por alimentos, com alta incidência em crianças e idosos. A infecção pode resultar em sintomas graves, como diarreia sanguinolenta e complicações como a síndrome hemolítico-urêmica, que afeta os rins. Além disso, as cepas patogênicas possuem diversos fatores de virulência, como toxinas, adesinas e sistemas de secreção, que permitem a colonização do hospedeiro e a evasão da resposta imune. Esses fatores são responsáveis pelas diferentes manifestações clínicas associadas às infecções por *E. coli* (LEITE et al., 2020).

A transmissão ocorre principalmente por meio de alimentos e água contaminados, destacando a importância da segurança alimentar. No Brasil, *E. coli* é frequentemente associada a surtos especialmente em contextos de saneamento precário e condições inadequadas de higiene (GURGEL; SILVA; SILVA, 2020).

O crescente aumento de cepas multirresistentes de *E. coli* é uma preocupação importante, especialmente em cepas patogênicas. O uso inadequado de antibióticos na medicina humana e veterinária tem contribuído para o surgimento e disseminação dessas cepas. Dentro do setor agropecuário, é comum em animais de produção e pode causar doenças que comprometem tanto o bem-estar dos animais quanto a produtividade (MAESTRI et al., 2020; MARRERO-MORENO et al., 2017). A prevenção de infecções, por sua vez, envolve práticas rigorosas de higiene e segurança dos alimentos, desde a produção até o consumo. Isso inclui o cozimento adequado dos alimentos, o tratamento da água e a higiene pessoal. Métodos de diagnóstico rápido, como o PCR e o cultivo bacteriano são essenciais para a identificação de *E. coli* patogênica e o manejo eficaz de surtos, diminuindo também o impacto econômico resultante da perda de produtividade e da retirada de produtos contaminados do mercado (PERUZY et al., 2019).

2.8 *Enterococcus* spp.

Enterococcus spp. é um grupo bacteriano de grande importância para a saúde pública e segurança alimentar. Esse gênero de bactérias gram-positivas e aeróbicas inclui espécies comensais encontradas no trato gastrointestinal de humanos e animais. As espécies mais conhecidas são *Enterococcus faecalis* e

Enterococcus faecium, frequentemente associadas a infecções hospitalares, mas que também podem ser veiculadas por alimentos contaminados. Embora faça parte da microbiota intestinal, essas bactérias têm potencial patogênico e estão associadas a diversas infecções, incluindo infecções do trato urinário, bacteremia e endocardite (KRAWCZYK et al., 2021).

Esse microrganismo pode ser detectado em diversos produtos, como em carnes, laticínios e vegetais, geralmente devido à contaminação fecal durante o processamento inadequado dos alimentos. A contaminação de alimentos ocorre com frequência durante o abate e o processamento de animais de produção, principalmente quando práticas inadequadas de higiene são realizadas. Nessas situações, as bactérias do trato intestinal podem se disseminar para a carne e outros produtos alimentares. Além disso, a manipulação inadequada de alimentos em cozinhas, tanto comerciais quanto domésticas, pode resultar em contaminação cruzada, promovendo a disseminação desse microrganismo no ambiente (KRAWCZYK et al., 2021; LIMA et al., 2023).

Tem como característica a resistência a condições adversas, como altas concentrações de sal e variações de temperatura, o que facilita a sobrevivência em alimentos processados e dentro da cadeia produtiva (HANCHI et al., 2018). A ingestão de alimentos contaminados é a principal via de exposição a *Enterococcus* spp. nos humanos. Quando ingeridos, permitem que as bactérias colonizem temporariamente ou, em casos mais raros, que causam infecções. Em indivíduos saudáveis, a presença de *Enterococcus* geralmente não provoca doenças, porém pessoas imunocomprometidas ou em ambientes hospitalares estão mais propensas a quadros de infecções graves, muitas vezes de difícil tratamento devido à resistência a múltiplos antibióticos (LIMA; ALMEIDA; OLIVEIRA, 2020).

Ações visando minimizar a contaminação por *Enterococcus* spp. são cruciais. A implementação de práticas rigorosas de higiene ao longo de toda a cadeia de produção, incluindo medidas de controle eficazes durante o abate e o processamento, bem como a adoção de boas práticas de manipulação em cozinhas comerciais e domésticas, são de suma importância. O monitoramento contínuo da presença de *Enterococcus* spp. em alimentos é essencial para avaliar os riscos potenciais e desenvolver estratégias de mitigação apropriadas, assim como a educação de consumidores e trabalhadores da indústria

alimentícia sobre a importância da manipulação adequada de alimentos para reduzir a contaminação e prevenir a disseminação destas e de outras bactérias (BORTOLAIA; ESPINOSA-GONGORA; GUARDABASSI, 2016; SANTOS et al., 2023).

2.9 MECANISMOS DE RESISTÊNCIA MICROBIANA

As bactérias desenvolvem resistência contra antibióticos alterando o alvo do antibiótico, fabricando enzimas inativadoras para o antibiótico ou expulsando ativamente os antibióticos da célula bacteriana. Dessa forma, tendo desenvolvido resistência, as bactérias podem sobreviver e se multiplicar na presença de compostos que, de outra forma, as matariam. Além disso, genes que codificam resistência a antibióticos contra várias classes de agentes antimicrobianos podem ser trocados por bactérias por meio de elementos genéticos móveis, como plasmídeos e transposons, fornecendo assim maneiras eficazes de como se disseminar rapidamente entre diferentes gêneros e espécies bacterianas. Isso facilita a disseminação da resistência, tornando o controle de infecções bacterianas um grande problema tanto em ambientes clínicos quanto agrícolas (MOREIRA et al., 2013; LENTZ, 2022).

A resistência microbiana pode ser intrínseca ou adquirida. A resistência intrínseca é o fenótipo natural pelo qual espécies de bactérias não respondem a antibióticos específicos pois o antibiótico não consegue permear a parede celular bacteriana ou quando o antibiótico não tem um alvo molecular necessário para sua ação antimicrobiana. Por exemplo, muitas bactérias gram-negativas apresentam resistência intrínseca à vancomicina, pois este é um antibiótico ativo apenas contra bactérias gram-positivas. Essas células não permitem que o antibiótico passe pela membrana externa (DALMOLIN et al., 2022).

Bactérias resistentes são capazes de atingir resistência ativa por efluxo ou proteção de seus locais-alvo. Também por resistência passiva, com o antibiótico sendo degradado ou modificado, e esses processos podem ocorrer por transferência horizontal. A transmissão horizontal de genes compreende mecanismos como conjugação, transformação e transdução. Quando duas bactérias entram em contato direto e plasmídeos carregando os genes para resistência ativa são transferidos para outra bactéria, isso é conhecido como conjugação. Na transformação, uma bactéria absorve DNA livre de seus

arredores. Bacteriófagos são capazes de transdução; são vírus que infectam bactérias e, em alguns casos, carregam células bacterianas com material genético que pode ser injetado em uma nova bactéria, modificando efetivamente o fenótipo do receptor (ALÓS, 2015; DALMOLIN et al., 2022).

Outro meio comum de resistência microbiana é quando a permeabilidade da membrana celular é alterada para que o antibiótico seja impedido de entrar na célula bacteriana. Algumas bactérias são capazes de modificar suas porinas, proteínas que criam canais nas membranas externas, resultando em uma redução da entrada de antibióticos. Esse mecanismo é comum em bactérias gram-negativas, como *Pseudomonas aeruginosa*, que exibe alta resistência intrínseca contra uma ampla gama de antibióticos devido à baixa permeabilidade às suas membranas externas (ALMEIDA et al., 2023; OLIVEIRA; PEREIRA; ZAMBERLAM, 2020).

Outro mecanismo de resistência comum é a modificação no local da ação do antibiótico. As bactérias podem alterar a estrutura das proteínas alvo, tornando-as relativamente com baixa afinidade pelo antibiótico, tornando-o ineficaz. Esse tipo de mecanismo explica a maior parte da resistência aos macrolídeos, incluindo a eritromicina, pela qual as bactérias alteram a estrutura do ribossomo, e o antibiótico não se liga. Da mesma forma, a resistência à fluoroquinolona resulta de mutações nos alvos primários desses antibióticos, as enzimas DNA girase e topoisomerase IV, pelas quais as fluoroquinolonas não são capazes de interromper o processo de replicação do DNA na célula bacteriana (HALAWA et al., 2023; MABLOZ, 2023).

Mecanismos de resistência intrínseca são integrais às bombas de efluxo bacterianas. Ou seja, são sistemas de transporte ativos que expulsam antibióticos e outros agentes nocivos do interior para a parte externa da célula, diminuindo assim sua concentração no citoplasma bacteriano. Bactérias que têm sistema de efluxo altamente ativo são resistentes a vários antibióticos, entre eles tetraciclina, quinolonas e macrolídeos (HALAWA et al., 2023; MABLOZ, 2023).

Além disso, é de grande importância que a resistência tenha evoluído por meio da inativação ou destruição do antibiótico por enzimas recém-produzidas. Um caso em questão são as β -lactamases, que são enzimas que quebram o anel β -lactâmico nas penicilinas e cefalosporinas, tornando esses antibióticos inativos. Uma preocupação é a produção de β -lactamases de espectro estendido

(ESBLs) em bactérias gram-negativas, dado que essas enzimas são capazes de inativar ampla gama de antibióticos β -lactâmicos, entre eles as cefalosporinas de terceira geração. A crescente incidência de bactérias produtoras de ESBL e rápida disseminação são ameaças mais sérias à utilidade dos antibióticos atualmente disponíveis para terapia (LANGKABEL et al., 2023; REYGAERT, 2018).

Além dos mecanismos acima estabelecidos, a resistência mediada por integrons e transposons é de suma importância na disseminação da resistência antimicrobiana. Os integrons são capazes de capturar e expressar genes associados à resistência, os transposons são sequências de DNA móveis que facilitam a transmissão de genes de resistência de uma espécie bacteriana para outra, em elementos genéticos. A rápida adaptação de populações bacterianas a novos antibióticos acelera a disseminação da RAM devido a esses mecanismos genéticos em variedade de ambientes, nomeadamente hospitais e ambientes agrícolas (HALAWA et al., 2023; MUNITA; ARIAS, 2015).

Tais adaptações metabólicas podem ser feitas pelas próprias bactérias. As vias metabólicas bacterianas são alteradas ou reguladas positivamente na produção de metabólitos que atuam como inibidores competitivos do antibiótico em seu alvo molecular. Por exemplo, na resistência à sulfonamidas, as bactérias regulam positivamente sua produção de ácido para-aminobenzoico, importante precursor do ácido fólico. Elas estão respondendo diretamente à inibição da enzima (da 7, 8-desidratase) em uma etapa crítica na via para a síntese de ácido fólico (BEZERRA et al., 2017; MUNITA; ARIAS, 2015).

Em outras palavras, os mecanismos de resistência antimicrobiana são complexos e multifatoriais, indo de modificações na membrana celular à recepção de genes de resistência por transferência horizontal. Essa diversidade de estratégias adaptativas torna a resistência antimicrobiana um dos maiores desafios na medicina e agricultura modernas. O uso crescente de antibióticos — tanto na medicina humana quanto animal — acelerou a seleção de bactérias resistentes, tornando as infecções complicadas de tratar e promovendo a disseminação da resistência em diversos ambientes (DALMOLIN et al., 2022; MOREIRA et al., 2013).

3 OBJETIVOS

3.1 OBJETIVO GERAL

O objetivo geral deste estudo foi avaliar a prevalência e a resistência antimicrobiana de isolados de *Salmonella* spp., *Escherichia coli* e *Enterococcus* spp. provenientes de sistemas de produção de frangos de corte convencionais e *antibiotic-free*, ao longo das etapas da cadeia produtiva.

3.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

Os objetivos específicos deste estudo foram:

(1) Determinar a prevalência de *Salmonella* spp., *Escherichia coli* e *Enterococcus* spp. em amostras coletadas de diferentes etapas da cadeia produtiva (pré-alojamento, meio do alojamento, final do alojamento e abatedouro) nos sistemas de produção de frango de corte convencional e *antibiotic-free*, considerando a sazonalidade, o tipo e a etapa de produção, além do tipo de amostras.

(2) Avaliar a resistência dos isolados aos antimicrobianos, comparando os dois sistemas de produção de frango de corte e identificando as taxas de resistência em cada etapa da cadeia produtiva;

(3) Analisar as taxas de multirresistência (MDR) dos isolados nos sistemas de produção de frango de corte convencional e *antibiotic-free*.

CAPÍTULO 2

Influência dos sistemas de produção de carne de frango convencional e *antibiotic-free* na determinação do perfil de resistência aos antibióticos em isolados de *Salmonella* spp., *Escherichia coli* e *Enterococcus* spp.

Artigo a ser enviado para a revista Antibiotics – ISSN 2079-6382

Artigo 1

Influência dos sistemas de produção de carne de frango convencional e *antibiotic-free* na determinação do perfil de resistência aos antibióticos em isolados de *Salmonella* spp., *Escherichia coli* e *Enterococcus* spp.

Patrícia Regina Lopes Melo¹; Emanoelli Aparecida Rodrigues dos Santos¹; Evelyn Cristine da Silva¹; Gabriella Rodrigues Cazolda¹, Mirella Silva Guinda Ribeiro¹; Leonardo Ereno Tadielo¹; Gean Carlo Azinari¹; Wanderson Sirley Reis Teixeira¹; Karina Pires Gutierrez²; Bruna Lindolfo da Silva²; João Pessoa Araújo Junior²; Fábio Sossai Possebon^{1,2}; Juliano Gonçalves Pereira¹

¹São Paulo State University (UNESP), School of Veterinary Medicine and Animal Science, Botucatu, Brazil

²São Paulo State University (UNESP), Institute of Biotechnology, Botucatu, Brazil

RESUMO

A cadeia produtiva de frango de corte tem um papel fundamental na economia do Brasil, sendo o país um dos maiores produtores e exportadores mundiais de carne de frango. No entanto, a resistência antimicrobiana é uma preocupação crescente para a saúde pública e está diretamente relacionada ao uso de antimicrobianos na produção animal. O aumento da demanda por sistemas de produção sem o uso de antibióticos reforça a necessidade de estudos comparativos sobre os perfis de resistência bacteriana nesses sistemas. Este estudo avaliou a prevalência e o perfil de resistência antimicrobiana de isolados de *Salmonella* spp. (n=186), *Escherichia coli* (n=1000) e *Enterococcus* spp. (n=527) em sistemas convencionais e *antibiotic-free* de produção de frangos de corte no Brasil. Foram coletadas amostras (n=1079) ao longo do ciclo de produção em duas empresas do estado de São Paulo, uma operando no sistema convencional e outra no sistema *antibiotic-free*. As coletas ocorreram antes do alojamento, durante o ciclo de produção, no fim do alojamento, no abate e no processamento, abrangendo amostras da granja (água, ração, insetos, swabs de arraste, swabs cloacais e amostras ambientais) e do abatedouro (swabs de superfície e utensílios, enxágue de carcaças e ceco). As amostras foram

submetidas à detecção bacteriana e a testes de sensibilidade a antimicrobianos de diversas classes, sendo que isolados resistentes a três ou mais classes foram classificados como multidroga-resistentes (MDR). O sistema convencional apresentou maior prevalência de *Salmonella* spp. e *E. coli*, enquanto *Enterococcus* spp. foi mais prevalente no sistema *antibiotic-free*. Altos níveis de resistência foram observados em ambos os sistemas. No sistema convencional, 99,13% (229/231) dos isolados de *Enterococcus* spp. foram classificados como MDR, enquanto no sistema *antibiotic-free* esse valor foi de 98,99% (293/296). Para *E. coli*, 95,2% (482/504) dos isolados no sistema convencional e 70,63% (348/496) no *antibiotic-free* apresentaram resistência a três ou mais classes de antimicrobianos. Para *Salmonella* spp., 99,4% (183/186) dos isolados no sistema convencional foram classificados como MDR, enquanto no sistema *antibiotic-free* esse índice foi de 50% (1/2). A resistência observada incluiu antimicrobianos de importância crítica para a medicina humana e veterinária, como as cefalosporinas de terceira geração. Esses achados reforçam a necessidade de políticas rigorosas para o controle e uso prudente de antimicrobianos na produção avícola, visando minimizar os impactos na saúde pública e animal.

1 INTRODUÇÃO

Nas últimas décadas, o crescimento da produção e consumo de carne de frango no Brasil impulsionou inovações tecnológicas no setor agroalimentar, visando melhorar a produtividade (BELUSSO; HESPANHOL, 2010). Nos sistemas convencionais, as aves são geneticamente selecionadas para rápido crescimento e eficiência alimentar, e os antibióticos são usados tanto para tratar infecções quanto como promotores de crescimento, o que tem contribuído para o aumento da resistência bacteriana (PANDOLFI; MOTA, 2020). Essa resistência, antes associada a ambientes hospitalares, agora atinge a cadeia produtiva de alimentos, transferindo genes de resistência para outras bactérias e contaminando o ambiente (COSTA; JUNIOR, 2017). Estudos apontam que 73% dos antimicrobianos globais são usados na criação de animais, contribuindo para o aumento de infecções resistentes que impactam tanto animais quanto humanos (VAN BOECKEL et al., 2019). Bactérias como *Salmonella* spp., *Escherichia coli* e *Enterococcus* spp. são particularmente preocupantes, pois

estão frequentemente associadas a surtos alimentares e representam uma ameaça à saúde pública. *Salmonella* spp. podem ser transmitida por carne contaminada ou contaminação cruzada, enquanto *E. coli* pode causar doenças graves, como diarreia hemorrágica, e *Enterococcus* spp. pode provocar infecções graves, como bacteremia (BROWN et al., 2021; LJUBOJEVIĆ et al., 2016).

O sistema *antibiotic-free*, que não utiliza antibióticos durante o ciclo produtivo, tem sido estudado como uma alternativa para reduzir a resistência bacteriana. Esse sistema adota práticas de manejo rigorosas, como melhoramento genético, nutrição balanceada e uso de vacinas e probióticos, visando manter a saúde das aves sem recorrer aos antibióticos (AZEVEDO et al., 2016; SANTOS et al., 2023). A crescente demanda por alimentos sustentáveis e a necessidade de mitigar a resistência bacteriana têm impulsionado a busca por sistemas alternativos de produção. No entanto, ainda existem desafios significativos na implementação do sistema *antibiotic-free*, principalmente quanto ao controle de patógenos e à manutenção da saúde animal. Estudos comparativos entre sistemas convencionais e *antibiotic-free* são essenciais para avaliar os impactos dessas estratégias na segurança alimentar e na saúde pública (FLORES; MELO, 2014; MAK et al., 2022).

2 MATERIAIS E MÉTODOS

2.1 ASPECTOS ÉTICOS

O estudo segue os preceitos éticos estabelecidos pela legislação brasileira. O protocolo de pesquisa (CEUA 0290/2023) foi aprovado pela Comissão de Ética no Uso de Animais (CEUA) da Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, UNESP, em conformidade com a Lei nº 11.794/2008 e o Decreto nº 6.899/2009, bem como com as normas do Conselho Nacional de Controle de Experimentação Animal (CONCEA).

2.2 COLETA DE AMOSTRAS

Duas empresas localizadas no estado de São Paulo foram selecionadas para o estudo. Uma das empresas realizava o abate de aves criadas em sistema convencional, com uma capacidade de abate de 150.000 aves por dia. A segunda empresa abate aves criadas em sistema *antibiotic-free*, dentro de sistemas orgânicos ou livres de organismos geneticamente modificados (OGM), com uma capacidade de abate de 37.000 aves por dia. Ambos os abatedouros frigoríficos operam sob o Sistema de Inspeção Federal, sendo que o abatedouro *antibiotic-free* possui certificações específicas, como Orgânico Brasil, Certified Humane, IBG não-OGM e NAAU (Nenhum Antibiótico, Nenhum Anticoccidiano).

Para o estudo, foram selecionadas quatro propriedades rurais vinculadas a cada empresa, totalizando oito propriedades. De cada uma dessas propriedades, foram acompanhados dois lotes de produção, um no inverno e outro no verão, totalizando 16 lotes. Cada lote foi monitorado durante todo o período de alojamento, com coletas realizadas antes do alojamento das aves, no meio do alojamento (14 a 21 dias), no final do alojamento (5 a 7 dias antes do abate) e durante o processo de abate.

Foram coletadas 1.079 amostra, desse total, 540 amostras foram provenientes de sistemas convencionais de produção, com 272 amostras coletadas no inverno e 268 no verão. Em sistemas de produção *antibiotic-free*, foram coletadas 539 amostras, sendo 269 no inverno e 270 no verão, conforme descrito no Quadro 1.

Após a coleta, todas as amostras foram acondicionadas em caixas isotérmicas contendo gelo reciclável até o momento das análises. Todas as amostras foram submetidas às análises microbiológicas convencionais.

QUADRO 1 - Distribuição de amostras coletadas durante o período de 01/02/2023 a 20/07/2024 em granjas e abatedouros de frango de corte convencionais e antibiotic-free do estado de São Paulo, Brasil.

Momento de coleta	Amostra	Unidade amostral	Inverno 23		Verão 23-24	
			CONV	ABF	CONV	ABF
Antes do alojamento	Ambiente interno do galpão	Swab de arrasto	4	4	4	4
	Ambiente externo do galpão	Swab de arrasto	4	4	4	4

	Superfície de comedouros/bebedouros	Swab de superfície (pool de 40 superfícies)	4	4	4	4
	Ração	500 g	4	4	4	4
	Água	100 mL	4	4	4	4
Metade do alojamento	Ambiente interno do galpão	Swab de arrasto	4	4	4	4
	Ambiente externo do galpão	Swab de arrasto	4	4	4	4
	Superfície de comedouros/bebedouros	Swab de superfície (pool de 40 superfícies)	4	4	4	4
	Animais	Swab de cloaca	40	40	40	40
Final do alojamento	Ambiente interno do galpão	Swab de arrasto	4	4	4	4
	Ambiente externo do galpão	Swab de arrasto	4	4	4	4
	Superfície de comedouros/bebedouros	Swab de superfície (pool de 40 superfícies)	4	4	4	4
	Insetos	Pool de insetos	4	4	4	4
	Humanos	Swab de fezes	4	0	1	2
Abatedouro	Equipamento de área suja	Swab de superfície (pool de 4 equipamentos)	4	4	4	4
	Equipamento de área limpa	Swab de superfície (pool de 4 equipamentos)	4	4	4	4
	Utensílio de área suja	Swab de superfície (pool de 4 utensílios)	4	4	4	4
	Utensílio de área limpa	Swab de superfície (pool de 4 utensílios)	4	4	4	4
	Carcaça	Cecos na evisceração	40	40	40	40
	Carcaça	Enxágue de carcaça pós-escaldagem	40	40	40	40
	Carcaça	Enxágue de carcaça pós-resfriamento	40	40	40	40
	Água do <i>chiller</i>	100 mL	4	4	4	4
Produto final	Carne	Enxágue de carcaça pronta	40	40	40	40
Total			272	268	269	270
Total por sistema			540		539	
Total de amostras coletas				1079		

ABF – *Antibiotic-free*, CONV – Convencional.

2.3 ISOLAMENTO DE *Salmonella* spp.

A pesquisa de *Salmonella* spp. foi realizada seguindo as normas da ISO 6579 (ISO, 2017). As amostras foram enriquecidas em água peptonada tamponada (APT, Oxoid™) e incubadas a 37 °C por 18-20h. Após esse período, 1 mL da cultura enriquecida foi transferido para o caldo Muller-Kauffmann tetrionato-novobiocina (MKTT, Oxoid™), e 0,1 mL foi transferido para o caldo Rappaport-Vassilidis Soya (RVS, Oxoid™). O caldo MKTT foi incubado a 37 °C por 24h e o RVS a 41,5 °C pelo mesmo período. Posteriormente, uma alíquota de cada caldo foi semeada em ágar Xilose Lisina Desoxicolato (XLD, Oxoid™) e Bismuto Sulfito (BS, Oxoid™) e incubada a 37 °C por 24h.

Entre uma e três colônias típicas de cada amostra foram selecionadas e semeadas nos meios presuntivos: Ágar Triple Sugar Iron (TSI, Oxoid™) e Ágar Lisina Ferro (LIA, Oxoid™), para confirmação bioquímica preliminar. Isolados confirmados em provas bioquímicas foram selecionados e armazenados em caldo Triptona Soja (TSB, Oxoid™) com glicerol 20% a – 20 °C.

2.4 ISOLAMENTO DE *E. coli*

Para o isolamento de *E. coli*, as amostras foram enriquecidas em água peptonada tamponada (APT, Oxoid™) e incubadas a 37 °C por 18-24h. Após esta etapa, as alíquotas do caldo foram inoculadas em Ágar Tryptone Bile X-glucuronide (TBX, Oxoid™) e incubadas a 37 °C por mais 18-24h. As placas resultantes foram examinadas, e uma colônia que apresentava características típicas de *E. coli* (colônias azuis a verde azulada) foi selecionada por amostra e então armazenada em caldo Triptona Soja (TSB, Oxoid™) com glicerol 20% a – 20 °C.

2.5 ISOLAMENTO DE *Enterococcus* spp.

O isolamento de *Enterococcus* spp. foi conduzido seguindo o protocolo descrito por Klein et al., 1998, com as adaptações necessárias. As amostras foram enriquecidas em água peptonada tamponada (APT, Oxoid™) e incubadas a 37 °C por um período de 18-24h. Após a incubação, as amostras foram semeadas em ágar BBL Enterococcosel™ (Bile Esculin Azide Agar, BD™) e mantidas em incubação a 37 °C por 48 horas. Uma colônia característica de cada

amostra foi selecionada e armazenada em caldo Triptona Soja (TSB, Oxoid™) com glicerol 20% a – 20 °C.

2.6 CONFIRMAÇÃO MOLECULAR

Após o desenvolvimento de colônias com características distintivas, os microrganismos passaram por confirmação molecular usando as sequências genéticas específicas. O gene *invA* (Quadro 2) foi utilizado para pesquisa de *Salmonella* spp., enquanto a gene *uspA* (Quadro 2) foi utilizado para a pesquisa de *Escherichia coli* e o gene *Tuf* (Quadro 2) para a pesquisa de gênero de *Enterococcus* spp. A extração do DNA foi realizada utilizando um método *in-house* que envolveu lise térmica, seguindo o protocolo descrito por Peres et al. (2010) para *Enterococcus* spp., e por Pui et al. (2011) e Dias et al. (2016) para *E. coli* e *Salmonella* spp., respectivamente.

QUADRO 2 - Genes alvo utilizados para a confirmação molecular de isolados de *Salmonella* spp., *E. coli* e *Enterococcus* spp. de amostras da cadeia de produção de frango de corte convencional e *antibiotic-free*.

Microrganismo	Gene alvo	Sequência (5'-3')	pb	Referência
<i>Salmonella</i> spp.	<i>invA</i>	F:TTGTTACGGCTATTTTGACCA R:CTGACTGCTACCTTGCTGATG	521	(SWAMY <i>et al.</i> , 1996)
<i>Escherichia coli</i>	<i>uspA</i>	F:CCGATACGCTGCCAATCAGT R:ACGCAGACCGTAGGCCAGAT	884	(PEREIRA <i>et al.</i> , 2018)
<i>Enterococcus</i> spp.	<i>Tuf</i>	F:TACTGACAAACCATTTCATGATG R:AACTTCGTCACCAACGCGAAC	112	(KE <i>et al.</i> , 1999)

2.7 PERFIL DE RESISTÊNCIA AOS ANTIMICROBIANOS

Os isolados, que foram previamente confirmados, foram submetidos ao teste de suscetibilidade Kirby-Bauer (disco-difusão), para testar sua resistência a antibióticos de diferentes classes antimicrobianas. Seguindo as diretrizes da CLSI 2022 (WEINSTEIN; LEWIS, 2022) foram selecionados 12 antibióticos para cada microrganismo. Para os microrganismos da família das enterobactérias, como *Salmonella* spp. e *Escherichia coli*, foram utilizados os seguintes antimicrobianos: betalactâmicos, incluindo amoxicilina (10 µg), ampicilina (10 µg), ceftazidima (30 µg) e cefotaxima (30 µg); fluoroquinolonas, como

ciprofloxacino (5 µg) e norfloxacin (10 µg); aminoglicosídeos, como gentamicina (1 µg); tetraciclina, como tetraciclina (30 µg); cloranfenicol (30 µg); imidazóis, como imipenem (10 µg); e sulfonamidas, como trimetoprima (25 µg). Para os isolados de *Enterococcus* spp., foram empregados os seguintes antimicrobianos: betalactâmicos, como ampicilina (10 µg); fluoroquinolonas, incluindo ciprofloxacino (5 µg) e norfloxacin (10 µg); aminoglicosídeos, como gentamicina (10 µg) e estreptomicina (10 µg); glicopeptídeos, como teicoplanina (30 µg) e vancomicina (30 µg); macrolídeos, como eritromicina (15 µg); lincosamidas, como clindamicina (2 µg); penicilinas, como penicilina (10 µg); tetraciclina, como tetraciclina (30 µg); e cloranfenicol (30 µg).

Embora a Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI) não recomende o uso de clindamicina para testes de sensibilidade antimicrobiana em *Enterococcus* spp., ela foi utilizada neste estudo como controle positivo. Esse uso permite verificar a eficácia do teste, uma vez que a resistência de *Enterococcus* à clindamicina é intrínseca e esperada, funcionando como um parâmetro para garantir a validade dos resultados (CLSI/NCCLS, 2022; GARCÍA-SOLACHE; RICE, 2019).

Os isolados selecionados foram cultivados em caldo Tripton Soja (TBS, Oxoid™) e incubados a 37°C por um período de 18 a 24 horas. Foi então realizada a suspensão direta das colônias do TSB em solução salina de modo a obter densidade equivalente ao padrão de turbidez 0,5 da escala de McFarland. Essa solução foi então inoculada em placas de ágar Mueller-Hinton (MH, Oxoid™) de 150×15 mm, onde foram adicionados os discos de antibióticos e levadas para incubação a 37°C por 18-24 horas. Após esse período foi realizada a medição do halo de inibição, e os isolados foram classificados como sensíveis ou resistentes (CLSI/NCCLS, 2022). Aqueles classificados como intermediários foram realocados e classificados como resistentes. Isolados resistentes a três ou mais classes de antibióticos foram classificados como multidroga resistente (MDR) (MAGIORAKOS et al., 2012).

2.8 ANÁLISE DOS DADOS

Os dados de prevalência e o mapa de calor foram elaborados no Microsoft Excel (versão 2023), enquanto a análise da prevalência de resistência antimicrobiana e multirresistência (MDR) foi conduzida utilizando o software GraphPad PRISM (versão 10.0.2).

Para comparar as frequências de isolados multirresistentes entre os sistemas de produção convencional e *antibiotic-free*, aplicou-se o teste exato de Fisher. O valor de $p < 0,05$ foi considerado como estatisticamente significativo.

3 RESULTADOS

3.1 PRESENÇA DE *Salmonella* spp., *Escherichia coli* e *Enterococcus* spp.

3.1.1 Sazonalidade

A frequência de *Salmonella* spp. foi de 6,28% (34/541) no inverno, e de 4,4% (24/538) no verão, não havendo diferença significativa de frequência entre as estações do ano ($p = 0,2243$). Para *E. coli*, das 541 amostras analisadas no inverno, 488 (90,2%) foram positivas, enquanto das 538 amostras coletadas no verão, 512 (95,16%) apresentaram isolamento positivo ($p = 0,0008$). No caso de *Enterococcus* spp., 264 amostras (48,79%) foram positivas no inverno, enquanto 233 amostras (43,3%) apresentaram isolamento no verão ($p = 0,0766$).

3.1.2 Sistema de produção

A análise dos dados revelou que a frequência de *Salmonella* spp. foi maior no sistema convencional (5,18%) em comparação ao sistema *antibiotic-free* (0,18%), com uma diferença estatisticamente significativa ($p < 0,0001$). Para *Enterococcus* spp., a prevalência foi maior no sistema *antibiotic-free* (27,43%) em relação ao sistema convencional (21,40%), também com uma diferença estatisticamente significativa ($p = 0,0013$). No caso de *E. coli*, as prevalências foram semelhantes entre os dois sistemas, com 46,70% no sistema convencional e 45,96% no *antibiotic-free* ($p = 0,7625$), como detalhado na Tabela 1.

TABELA 1 - Frequência de microrganismos (*Salmonella* spp., *E. coli* e *Enterococcus* spp.) em amostras provenientes de sistemas de produção de frango de corte convencional e *antibiotic-free* no estado de São Paulo.

Microrganismo	Convencional	<i>Antibiotic-free</i>	Valor de p
<i>Salmonella</i> spp.	56/1079 (5,18%)	2/1079 (0,18%)	<0,0001
<i>E. coli</i>	504/1079 (46,70%)	496/1079 (45,96%)	0,7625
<i>Enterococcus</i> spp.	231/1079 (21,40%)	296/1079 (27,43%)	0,0013

3.1.3 Etapas e tipos de amostras por sistema

Na etapa antes do alojamento, a presença de *Salmonella* foi mínima, com uma única amostra positiva na ração do sistema convencional e um swab de superfície positivo no sistema *antibiotic-free*. No meio do alojamento, o sistema convencional apresentou positividade de 25% em swabs de superfície e arrasto, enquanto nenhuma amostra foi positiva no *antibiotic-free*. No final do alojamento, ambos os sistemas mostraram baixa positividade. No abatedouro convencional, as carcaças pós-resfriamento e os swabs de área suja apresentaram a maior taxa de positividade (17,50% e 25%), enquanto no *antibiotic-free* nenhuma carcaça foi positiva. Nos cecos, o sistema convencional registrou 12,50% de positividade, e o *antibiotic-free*, 0%, conforme a Tabela 2.

A prevalência de *E. coli* foi alta ao longo de todas as fases de produção em ambos os sistemas. Antes do alojamento, swabs de arrasto interior e exterior apresentaram positividade entre 88% e 100%, com 25% de positividade na ração para ambos os sistemas. No meio do alojamento, as taxas de positividade foram de 100% para swabs de arrasto e cloacais nos dois sistemas. No final do alojamento, a positividade se manteve alta em ambos os sistemas. No abatedouro, as carcaças pós-escaldagem e pós-resfriamento apresentaram taxas entre 90% e 95%, com redução no *antibiotic-free* na fase pós-resfriamento (86%), e com alta positividade no restante das amostras. (Tabela 2).

Para *Enterococcus* spp., antes do alojamento, 75% das amostras de água no sistema convencional foram positivas, comparado a 37,5% no *antibiotic-free*. No meio do alojamento, swabs cloacais registraram 75% de positividade no convencional e 90% no *antibiotic-free*. No final do alojamento, as taxas variaram de 50% a 62,5% no sistema *antibiotic-free*. No abatedouro, a água do chiller

apresentou 12,5% de positividade no convencional e 50% no *antibiotic-free*, enquanto as carcaças variaram de 22,5% a 42,5% no convencional e 40% a 53% no *antibiotic-free*. Esses resultados mostram a presença disseminada de *Enterococcus* spp. ao longo de todas as fases, com maior prevalência no sistema *antibiotic-free* (Tabela 2).

TABELA 2 - Distribuição das frequências absolutas e relativas de *Salmonella* spp., *Escherichia coli* e *Enterococcus* spp. por tipo de amostra e sistema de produção de frango de corte (convencional e *antibiotic-free*) do estado de São Paulo.

Momento/amostra	<i>Salmonella</i> spp.		<i>E. coli</i>		<i>Enterococcus</i> spp.	
	CONV	ABF	CONV	ABF	CONV	ABF
Antes do alojamento						
Água	0/8 (0%)	0/8 (0%)	0/8 (0%)	0/8 (0%)	6/8 (75%)	3/8 (37,5%)
Ração	1/8 (12,5%)	0/8 (0%)	2/8 (25%)	2/8 (25%)	6/8 (75%)	2/8 (25%)
Swab superfície-pool	0/8 (0%)	1/8 (12,5%)	8/8 (100%)	7/8 (87,5%)	6/8 (75%)	8/8 (100%)
Swab arrasto interior	0/8 (0%)	0/8 (0%)	8/8 (100%)	7/8 (87,5%)	5/8 (62,5%)	5/8 (62,5%)
Swab arrasto exterior	0/8 (0%)	0/8 (0%)	8/8 (100%)	8/8 (100%)	8/8 (100%)	6/8 (75%)
Meio do alojamento						
Swab superfície-pool	2/8 (25%)	0/8 (0%)	8/8 (100%)	8/8 (100%)	5/8 (62,5%)	5/8 (62,5%)
Swab arrasto interior	2/8 (25%)	0/8 (0%)	8/8 (100%)	8/8 (100%)	6/8 (75%)	8/8 (100%)
Swab arrasto exterior	1/8 (12,5%)	0/8 (0%)	8/8 (100%)	8/8 (100%)	5/8 (62,5%)	7/8 (87,5%)
Swab cloaca	8/80 (10%)	0/80 (0%)	80/80 (100%)	80/80 (100%)	60/80 (75%)	72/80 (90%)
Final de alojamento						
Swab superfície-pool	1/8 (12,5%)	1/8 (12,5%)	8/8 (100%)	8/8 (100%)	3/8 (37,5%)	4/8 (50%)
Swab arrasto interior	0/8 (0%)	0/8 (0%)	8/8 (100%)	8/8 (100%)	7/8 (87,5%)	4/8 (50%)
Swab arrasto exterior	0/8 (0%)	0/8 (0%)	8/8 (100%)	7/8 (87,5%)	4/8 (50%)	4/8 (50%)
Fezes Humanas	0/4 (0%)	0/3 (0%)	4/4 (100%)	1/3 (33,33%)	1/4 (25%)	0/3 (0%)
Pool de insetos	1/8 (12,5%)	0/8 (0%)	8/8 (100%)	8/8 (100%)	4/8 (50%)	5/8 (62,5%)

Abatedouro

Água do chiller	0/8 (0%)	0/8 (0%)	6/8 (75%)	7/8 (87,5%)	1/8 (12,5%)	4/8 (50%)
Carcaça pós escalda	2/80 (2,5%)	0/80 (0%)	72/80 (90%)	76/80 (95%)	22/80 (27,5%)	38/80 (47,5%)
Carcaça pós resfriamento	14/80 (17,5%)	0/80 (0%)	75/80 (93,75%)	69/80 (86,25%)	34/80 (42,5%)	32/80 (40%)
Carcaça PF (Produto final)	12/80 (15%)	0/80 (0%)	75/80 (93,75%)	70/80 (87,5%)	18/80 (22,5%)	43/80 (53,75%)
Swab área suja - Utensílios	2/8 (25%)	0/8 (0%)	8/8 (100%)	8/8 (100%)	3/8 (37,5%)	5/8 (62,5%)
Swab área suja – Superfícies	0/8 (0%)	0/8 (0%)	8/8 (100%)	7/8 (87,5%)	1/8 (12,5%)	5/8 (62,5%)
Swab área limpa – Superfícies	0/8 (0%)	0/8 (0%)	8/8 (100%)	6/8 (75%)	2/8 (25%)	5/8 (62,5%)
Swab área limpa – Utensílios	0/8 (0%)	0/8 (0%)	7/8 (87,5%)	7/8 (87,5%)	1/8 (12,5%)	4/8 (50%)
Ceco	10/80 (12,5%)	0/80 (0%)	78/80 (97,5%)	78/80 (97,5%)	23/80 (28,75%)	27/80 (33,75%)
Total	56/540 (10,37%)	2/539 (0,37%)	504/540 (93,33%)	496/539 (92,02%)	231/540 (42,77%)	296/539 (54,91%)

ABF – Antibiotic-free; CONV – CONVENCIONAL.

3.2 RESISTÊNCIA MICROBIANA

3.2.1 Resistência aos antimicrobianos

Para *Salmonella* spp., a resistência aos β -lactâmicos foi alta em ambos os sistemas, com a amoxicilina e a ampicilina registrando resistência acima de 98% no sistema convencional e 100% no *antibiotic-free*. As cefalosporinas e o ácido nalidíxico também apresentaram resistência elevada no convencional (acima de 96%), mas menor no *antibiotic-free* (50%). A tetraciclina seguiu um padrão semelhante, com 97,83% de resistência no convencional e 50% no *antibiotic-free*. A ciprofloxacina e o cloranfenicol apresentaram baixas taxas de resistência, especialmente no *antibiotic-free*, onde não houve resistência, conforme descrito na Tabela 3.

Para *E. coli*, a resistência aos β -lactâmicos foi superior a 93% no sistema convencional e entre 73-74% no *antibiotic-free*. O ácido nalidíxico e a tetraciclina apresentaram resistência de 95,83% e 88,10% no convencional, contra 67,34% e 61,49% no *antibiotic-free*. A resistência à ciprofloxacina foi de 79,76% no convencional e 38,10% no *antibiotic-free*, sendo o imipenem o que apresentou

menor resistência (23,21% no convencional e 15,93% no *antibiotic-free*) (Tabela 3).

Para *Enterococcus* spp., a eritromicina e a clindamicina tiveram resistência acima de 96% nos dois sistemas. A penicilina e a ampicilina mostraram resistência em torno de 87-88% no convencional e entre 88-98% no *antibiotic-free*. A vancomicina e a teicoplanina apresentaram resistência maior no *antibiotic-free* (97%) em comparação com o convencional (90-89%). A resistência à tetraciclina foi próxima em ambos os sistemas (cerca de 87%), enquanto a gentamicina teve menor resistência (21,65% no convencional e 16,89% no *antibiotic-free*), conforme Tabela 3.

TABELA 3 - Distribuição do número de isolados resistentes e percentuais de resistência para cada antibiótico testado em *Salmonella* spp., *Escherichia coli* e *Enterococcus* spp. isolados da cadeia produtiva de frango dos sistemas convencional e *antibiotic-free*.

Antibiótico (Sigla)	<i>Salmonella</i> spp.			<i>E. coli</i>			<i>Enterococcus</i> spp.		
	CONV (n=184)	ABF (n=2)	TOTAL (n=186)	CONV (n=504)	ABF (n=496)	TOTAL (n=1000)	CONV (n=231)	ABF (n=296)	TOTAL (n=527)
AMO	183 (99,46%)	2 (100%)	185 (99,46%)	470 (93,25%)	369 (74,40%)	839 (83,9%)	NT*	NT	NT
AMP	182 (98,91%)	2 (100%)	184 (98,92%)	478 (94,84%)	366 (73,79%)	844 (84,4%)	202 (87,45%)	263 (88,85%)	465 (88,23%)
CAZ	182 (98,91%)	1 (50%)	183 (98,39%)	340 (67,46%)	208 (41,94%)	548 (54,8%)	NT	NT	NT
CIP	26 (14,13%)	0 (0%)	26 (13,98%)	402 (79,76%)	189 (38,10%)	591 (59,1%)	143 (61,90%)	126(42,57%)	269 (51,04%)
CLI	NT	NT	NT	NT	NT	NT	230(99,57%)	295 (99,66%)	525 (99,43%)
CLO	23 (12,50%)	0 (0%)	23 (12,37%)	385 (76,39%)	155 (31,25%)	540 (54,0%)	143 (61,90%)	87 (29,39%)	230 (43,64%)
CTX	178 (96,74%)	1 (50%)	179 (96,24%)	359 (71,23%)	211 (42,54%)	570 (57,0%)	NT	NT	NT
ERI	NT	NT	NT	NT	NT	NT	224 (96,54%)	296 (100%)	521 (98,86%)
EST	NT	NT	NT	NT	NT	NT	106 (45,89%)	115 (38,85%)	221 (41,94%)
GEN	7 (3,80%)	0 (0 %)	7 (3,76%)	223 (44,25%)	145 (29,23%)	368 (36,8%)	50 (21,65%)	50 (16,89%)	100 (18,98%)
IMP	7 (3,80%)	0 (0%)	7 (3,76%)	117 (23,21%)	79 (15,93%)	196(19,6%)	NT	NT	NT
NAL	182 (98,91%)	1 (50%)	183 (98,39%)	483 (95,83%)	334 (67,34%)	817 (81,7%)	NT	NT	NT
NOR	13 (7,07%)	0 (0%)	13 (6,99%)	340 (67,46%)	106 (21,37%)	446 (44,6%)	146 (63,20%)	144 (48,65%)	290 (55,03%)
PEN	NT	NT	NT	NT	NT	NT	203 (87,88%)	292 (98,65%)	495 (93,93%)

TEC	NT	NT	NT	NT	NT	NT	206 (89,18%)	288 (97,30%)	494 (93,73%)
TET	180 (97,83%)	1 (50%)	181 (97,31%)	444 (88,10%)	306 (61,69%)	750/ (75,0%)	200(86,58%)	258 (87,16%)	458 (86,91%)
TRI	19 (10,33%)	1 (50%)	20 (10,75%)	381 (75,60%)	222 (44,76%)	603 (60,3%)	NT	NT	NT
VAN	NT	NT	NT	NT	NT	NT	210 (90,91%)	289 (97,64%)	499 (94,49%)

NT – Não testado; ABF – *Antibiotic-free*; CONV – Convencional. Lista de antibióticos: AMP – Ampicilina, AMO – Amoxicilina, CAZ – Ceftazidima, CIP – Ciprofloxacina, CLI – Clindamicina, CLO – Cloranfenicol, , CTX – Cefotaxima, ERI – Eritromicina, EST – Estreptomicina, GEN – Gentamicina, IMP – Imipenem, NAL – Ácido Nalidíxico, NOR – Norfloxacin, PEN – Penicilina, TEC – Teicoplanina, TET – Tetraciclina, TRI – Trimetoprim, VAN – Vancomicina.

3.2.2 Perfis de resistência de maior frequência

A análise da Tabela 4 apresenta uma descrição detalhada dos perfis de multirresistência a antimicrobianos encontrados nos isolados analisados. A tabela exibe apenas os 10 perfis de resistência mais frequentes entre os isolados. Para as amostras de *Salmonella* spp., 29 perfis de resistência foram identificados, sendo que apenas dois apareceram no sistema *antibiotic-free*, ambos com uma frequência de um. No sistema convencional, 27 perfis foram observados, com o perfil mais comum “AMO – AMP – CAZ – CTX – NAL – TET” presente em 117/186 isolados.

Foram identificados múltiplos perfis de resistência para *Escherichia coli* em ambos os sistemas de produção. A análise dos 10 perfis mais frequentes revelou que, no sistema *antibiotic-free*, o perfil mais comum foi “AMO – AMP – CAZ – CTX – CIP – NAL – CLO – GEN – NOR – TET – TRI”, identificado em 24 de 1000 amostras. No sistema convencional, o mesmo perfil foi o mais prevalente, sendo observado em 85 de 1000 amostras. Para *Enterococcus* spp., os perfis de multirresistência também variaram entre os sistemas. No sistema convencional, o perfil mais comum foi “AMP – PEN – EST – CLO – ERI – TET – CLIN – VAN – TEC – CIP – NOR” que apareceu em 32/527 isolados, refletindo uma alta resistência a múltiplos antimicrobianos. No sistema *antibiotic-free*, o perfil mais frequente incluía resistência a ampicilina, penicilina, eritromicina, tetraciclina, clindamicina, vancomicina e teicoplanina, sendo identificado em 49/527 amostras.

TABELA 4 - Perfis de multirresistência a antimicrobianos mais frequentes em isolados de *Salmonella* spp., *Escherichia coli* e *Enterococcus* spp. provenientes de amostras de sistemas de produção de frango de corte convencional e *antibiotic-free* no estado de São Paulo.

Sistema		Perfil	Contagem de Padrão
<i>Salmonella</i> spp.	ABF	AMO - AMP - CAZ - CTX - NAL - TET - TRI	1
		AMO - AMP	1
	CONV	AMO - AMP - CAZ - CTX - NAL - TET	117
		AMO - AMP - CAZ - CTX - NAL - CLO - TET	14
		AMO - AMP - CAZ - CTX - NAL - TET - TRI	10

		AMO - AMP - CAZ - CTX - CIP - NAL - TET	10
		AMO - AMP - CAZ - CTX - NAL - NOR - TET	4
		AMO - AMP - CAZ - NAL - TET	2
		AMO - AMP - CAZ - CTX - NAL - IMP - TET	2
		AMO - AMP - CAZ - CTX - NAL - CLO - TET - TRI	2
		AMO - AMP - CAZ - CTX - CIP - NAL - NOR - TET - TRI	2
		AMO - AMP - CAZ - CTX - CIP - NAL - IMP - TET	2
<i>E. coli</i>	ABF	AMO - AMP - CAZ - CTX - CIP - NAL - CLO - GEN - NOR - TET - TRI	24
		AMO - AMP	15
		AMP	10
		AMO - AMP - CAZ - CTX - CIP - NAL - NOR - TET - TRI	7
		AMO - AMP - CAZ - CTX - CIP - NAL - GEN - TET - TRI	7
		AMO - AMP - TET - TRI	6
		AMO - AMP - NAL - TET - TRI	6
		AMO - AMP - CAZ - CTX - CIP - NAL - CLO - NOR - TET - TRI	6
		AMO - AMP - CAZ - CTX - CIP - NAL - CLO - GEN - IMP - NOR - TET - TRI	6
		AMO - CAZ	5
	CONV	AMO - AMP - CAZ - CTX - CIP - NAL - CLO - GEN - NOR - TET - TRI	85
		AMO - AMP - CAZ - CTX - CIP - NAL - CLO - NOR - TET - TRI	38
		AMO - AMP - CAZ - CTX - CIP - NAL - CLO - GEN - IMP - NOR - TET - TRI	34
		AMO - AMP - CAZ - CTX - CIP - NAL - CLO - IMP - NOR - TET - TRI	23
		AMO - AMP - CIP - NAL - CLO - NOR - TET - TRI	21
		AMO - AMP - CTX - CIP - NAL - CLO - NOR - TET - TRI	13
		AMO - AMP - CAZ - CTX - CIP - NAL - CLO - GEN - TET - TRI	10
		AMO - AMP - CAZ - CTX - CIP - NAL - CLO - TET - TRI	10

		AMO - AMP - CIP - NAL - CLO - GEN - NOR - TET - TRI	9
		AMO - AMP - CAZ - CTX - CIP - NAL - CLO - NOR - TET	9
<i>Enterococcus</i> spp.	ABF	AMP - PEN - ERI - TET - CLIN - VAN - TEC	49
		AMP - PEN - ERI - TET - CLIN - VAN - TEC - CIP - NOR	22
		AMP - PEN - EST - ERI - TET - CLIN - VAN - TEC	17
		AMP - PEN - EST - CLO - ERI - TET - CLIN - VAN - TEC - CIP - NOR	17
		AMP - PEN - EST - ERI - TET - CLIN - VAN - TEC - CIP - NOR	14
		AMP - PEN - EST - GEN - CLO - ERI - TET - CLIN - VAN - TEC - CIP - NOR	13
		AMP - PEN - CLO - ERI - TET - CLIN - VAN - TEC - CIP - NOR	12
		AMP - PEN - CLO - ERI - TET - CLIN - VAN - TEC	11
		AMP - PEN - ERI - TET - CLIN - VAN - TEC - NOR	11
		AMP - PEN - EST - GEN - ERI - TET - CLIN - VAN - TEC - CIP - NOR	8
	CONV	AMP - PEN - EST - CLO - ERI - TET - CLIN - VAN - TEC - CIP - NOR	32
		AMP - PEN - EST - GEN - CLO - ERI - TET - CLIN - VAN - TEC - CIP - NOR	29
		AMP - PEN - CLO - ERI - TET - CLIN - VAN - TEC - CIP - NOR	24
		AMP - PEN - ERI - TET - CLIN - VAN - TEC	19
		AMP - PEN - ERI - CLIN - VAN - TEC	11
		AMP - PEN - CLO - ERI - TET - CLIN - VAN - TEC	8
		AMP - PEN - EST - ERI - TET - CLIN - VAN - TEC	7
		AMP - PEN - EST - CLO - ERI - TET - CLIN - VAN - TEC	5
		AMP - PEN - ERI - TET - CLIN - VAN - TEC - CIP - NOR	5

ABF – *Antibiotic-free*; CONV – Convencional. Lista de antibióticos: AMP – Ampicilina, AMO – Amoxicilina, CAZ – Ceftazidima, CIP – Ciprofloxacina, CLI – Clindamicina, CLO – Cloranfenicol, CTX – Cefotaxima, ERI – Eritromicina, EST – Estreptomicina, GEN – Gentamicina, IMP – Imipenem, NAL – Ácido Nalidíxico, NOR – Norfloxacin, PEN – Penicilina, TEC – Teicoplanina, TET – Tetraciclina, TRI – Trimetoprim, VAN – Vancomicina.

A análise dos mapas de calor (Figura 1 e Figura 2) faz uma comparação entre os sistemas de produção em termos de resistência antimicrobiana em cada etapa do sistema produtivo. No primeiro mapa (Figura 1), referente aos isolados de *Escherichia coli*, observa-se uma alta resistência a diversos antibióticos no sistema convencional em todas as etapas da produção avícola. Antibióticos como ampicilina (AMP) e amoxicilina (AMO) apresentaram resistência superior a 95% nas quatro fases da cadeia produtiva convencional, desde o pré-alojamento até o abatedouro. Além disso, antibióticos como tetraciclina (TET), ácido nalidíxico (NAL) e trimetoprim (TRI) exibiram altos níveis de resistência, especialmente nas fases intermediárias (Meio do alojamento) e finais (Fim do alojamento e Abatedouro) da produção convencional. A ciprofloxacina (CIP) e o cefotaxima (CTX) também registraram resistência elevada nas fases finais desse sistema. No sistema *antibiotic-free*, embora ainda seja observada uma resistência considerável a AMP e AMO, os níveis são mais baixos em comparação ao sistema convencional, com uma redução, particularmente na fase do abatedouro. Há também uma diminuição na resistência aos outros antimicrobianos, como NAL e TET, em quase todas as etapas de produção.

FIGURA 1 - Mapa de calor com as porcentagens de resistência fenotípica a antimicrobianos, em isolados de *E. coli* distribuídos por sistema de produção de frango de corte (convencional e *antibiotic-free*) do estado de São Paulo e por etapa do sistema de produção.

Sistema	Etapa	AMP	AMO	NAL	TET	CTX	CAZ	CIP	TRI	CLO	NOR	GEN	IMP
Convencional	AA (n=19)	100%	95%	84%	74%	74%	68%	74%	47%	63%	53%	58%	42%
	MA (n=114)	99%	99%	99%	91%	86%	87%	91%	75%	84%	84%	67%	39%
	FA (n=36)	97%	97%	97%	97%	89%	81%	83%	94%	86%	75%	33%	8%
	AB (n=335)	93%	90%	95%	87%	64%	59%	76%	75%	73%	61%	37%	19%
Antibiotic-free	AA (n=24)	88%	88%	58%	63%	46%	46%	42%	50%	38%	38%	25%	8%
	MA (n=111)	80%	82%	75%	70%	53%	59%	63%	43%	40%	43%	42%	10%
	FA (n=32)	81%	75%	69%	63%	63%	69%	47%	41%	56%	25%	19%	31%
	AB (n=329)	70%	71%	65%	59%	37%	33%	29%	45%	26%	12%	26%	17%

AA – Antes do Alojamento, AB – Abatedouro, AMP – Ampicilina, CIP – Ciprofloxacina, CLI – Clindamicina, CLO – Cloranfenicol, ERI – Eritromicina, EST – Estreptomicina, FA – Final do Alojamento, GEN – Gentamicina, MA – Meio do Alojamento, NOR – Norfloxacina, PEN – Penicilina, TEC – Teicoplanina, TET – Tetraciclina, VAN – Vancomicina.

O segundo mapa de calor (Figura 2) mostra os isolados de *Enterococcus* spp. e revela padrões distintos de resistência nas diferentes fases da produção. Em ambos os sistemas, a resistência à ampicilina (AMP) e à teicoplanina (TEC) foi consistentemente alta. Antibióticos como eritromicina (ERI) e clindamicina (CLI) apresentaram quase 100% de resistência em todas as etapas. Em contraste, a resistência à gentamicina (GEN) e à estreptomicina (EST) foi significativamente menor. No sistema *antibiotic-free*, a resistência também foi elevada para AMP (84% a 100%) e TEC (95% a 100%), superando os valores do sistema convencional em quase todas as etapas.

FIGURA 2 - Mapa de calor com as porcentagens de resistência fenotípica a antimicrobianos, em isolados de *Enterococcus* spp. distribuídos por sistema de produção de frango de corte do estado de São Paulo (convencional e *antibiotic-free*) e por etapa do sistema de produção.

Sistema	Etapas	CLI	ERI	PEN	TEC	VAN	AMP	TET	NOR	CIP	CLO	EST	GEN
Convencional	AA (n=31)	100%	100%	96%	95%	93%	93%	82%	56%	49%	51%	47%	25%
	MA (n=76)	100%	97%	88%	83%	87%	83%	92%	84%	79%	82%	61%	21%
	FA (n=19)	100%	100%	95%	89%	89%	84%	89%	63%	79%	58%	47%	21%
	AB (n=105)	99%	97%	93%	93%	94%	91%	83%	52%	50%	49%	34%	20%
Antibiotic-free	AA (n=24)	100%	100%	96%	100%	96%	100%	79%	67%	50%	38%	46%	21%
	MA (n=92)	99%	99%	89%	95%	97%	84%	93%	53%	47%	29%	43%	13%
	FA (n=17)	100%	100%	100%	100%	100%	88%	100%	47%	35%	41%	29%	18%
	AB (n=163)	99%	99%	98%	98%	98%	90%	83%	43%	39%	27%	36%	18%

AA – Antes do Alojamento, AB – Abatedouro, AMP – Ampicilina, CIP – Ciprofloxacina, CLI – Clindamicina, CLO – Cloranfenicol, ERI – Eritromicina, EST – Estreptomicina, FA – Final do Alojamento, GEN – Gentamicina, MA – Meio do Alojamento, NOR – Norfloxacin, PEN – Penicilina, TEC – Teicoplanina, TET – Tetraciclina, VAN – Vancomicina.

3.2.3 Multirresistência

Na Tabela 5, são apresentados os resultados referentes à multirresistência (MDR) de isolados de *Salmonella* spp., *E. coli* e *Enterococcus* spp. nos sistemas de produção convencional e *antibiotic-free*. Para *Salmonella* spp., 183/184 isolados (99,45%) do sistema convencional mostraram multirresistência, enquanto no sistema *antibiotic-free*, 1/2 isolados (50%)

apresentaram esse perfil. A análise estatística indicou uma diferença significativa entre os sistemas, com valor de $p = 0,0214$.

Para *E. coli*, a diferença entre os dois sistemas foi mais pronunciada, com 482/504 isolados (95,63%) do sistema convencional classificados como multirresistentes, em comparação com 348/496 isolados (70,16%) do sistema antibiotic-free. O valor de p obtido ($p < 0,0001$) foi significativo, demonstrando uma diferença entre as duas práticas de produção. No sistema convencional, houve uma alta prevalência de resistência multibacteriana em todas as fases da cadeia produtiva, com 84% dos isolados (16 de 19) multirresistentes antes do alojamento, mais de 98% durante o meio do alojamento, e 96% no abatedouro (318 de 335 isolados). No sistema antibiotic-free, os índices de resistência foram menores, com 75% dos isolados (18 de 24) classificados como MDR antes do alojamento, 68% no meio do alojamento, e 69% no abatedouro (226 de 329 isolados). A diferença de multirresistência entre os sistemas não foi estatisticamente significativa apenas na etapa inicial (Antes do alojamento).

Para *Enterococcus* spp., a resistência foi elevada em ambos os sistemas. No sistema convencional, 229/231 isolados (99,13%) foram multirresistentes, enquanto no antibiotic-free, 293/296 isolados (98,99%) apresentaram o mesmo perfil. O valor de p ($> 0,9999$) não indicou diferença estatisticamente significativa entre os dois sistemas. Em todas as fases da cadeia produtiva, as taxas de multirresistência foram elevadas em ambos os sistemas, com 100% das amostras sendo multirresistentes antes e no final do alojamento no sistema antibiotic-free, e 100% das amostras também multirresistentes nas três primeiras fases no sistema convencional, com 98% no abatedouro. A análise estatística não mostrou diferença significativa entre os sistemas para *Enterococcus* spp., com valores de p acima de 0,50, detalhados na Tabela 5.

TABELA 5 - Distribuição de isolados multirresistentes (MDR) de *Salmonella* spp., *E. coli* e *Enterococcus* spp. ao longo das etapas da cadeia produtiva de frangos nos sistemas convencional e *antibiotic-free*.

Etapa	<i>Salmonella</i> spp.			<i>E. coli</i>			<i>Enterococcus</i> spp.		
	CONV	ABF	Valor de p	CONV	ABF	Valor de p	CONV	ABF	Valor de p
AA	1/1 (100%)	-	-	16/19 (84%)	18/24 (75%)	0,7079	31/31 (100%)	24/24 (100%)	-
MA	55/55 (100%)	1/2 (50%)	0.0351	112/114 (98,24%)	76/111 (68,5%)	<0,0001	76/76 (100%)	90/92 (97,8%)	0.50
FA	5/5 (100%)	-	-	36/36 (100%)	28/32 (88%)	0.0442	19/19 (100%)	17/17 (100%)	-
AB	122/123 (99,18%)	-	-	318/335 (96%)	226/329 (69%)	<0,0001	103/105 (98%)	162/163 (99,4%)	0.56
Total	183/184 (99,45%)	1/2 (50%)	0,0214	482/504 (95,2%)	348/496 (70,63%)	<0,0001	229/231 (99,13%)	293/296 (98,99%)	>0,9999

AB – Abatedouro, ABF – Antibiotic-free, Antes do Alojamento, CONV – Convencional, FA – Final do Alojamento, MA – Meio do Alojamento.

4 DISCUSSÃO

4.1 PRESENÇA DE MICRORGANISMOS DE IMPORTÂNCIA NA CADEIA DE PRODUÇÃO

A presença dos microrganismos estudados na etapa Antes do alojamento menor comparada as etapas seguintes, sugerindo uma baixa contaminação inicial. Segundo Wang et al. (2023) quando devidamente tratadas, a água e a ração representam um risco muito baixo de introdução de patógenos no lote.

Durante o meio do alojamento, houve um aumento expressivo na detecção de *Salmonella* e *E. coli* nas amostras de swabs cloacais e de arrasto interior, o que pode ser explicado pela colonização do trato gastrointestinal das aves no ambiente. Esses microrganismos podem ser eliminados pelas fezes, contribuindo para a disseminação no ambiente de criação, que é uma das principais vias de transmissão de patógenos em sistemas intensivos (ROUGER et al., 2017).

No final do alojamento, a presença de *Salmonella* e *E. coli* manteve-se elevada, especialmente em swabs e no pool de insetos, sugerindo uma persistência da contaminação ao longo do ciclo de produção. Já no abatedouro, os maiores índices de prevalência de *Salmonella* foram observados em carcaças

pós-resfriamento (23,12%) e no ceco durante a evisceração (22,04%), sugerindo que o processamento das aves é uma etapa crítica para a contaminação cruzada. Esse achado é consistente com a literatura, onde o abatedouro é identificado como um ponto chave para a disseminação de patógenos, ressaltando a importância de práticas rigorosas de higiene e controle (ROUGER et al., 2017).

Embora *Salmonella* e *E. coli* não tenham sido isoladas diretamente das amostras de água, sua detecção em bebedouros e comedouros sugere que, mesmo com o tratamento eficaz da água, como a cloração, as aves acabam contaminando essas superfícies durante a alimentação. O tratamento da água é importante para a redução do risco de patógenos, mas é provável que a principal fonte de *Salmonella* no ambiente do aviário seja outra, como as fezes das aves (WANG et al., 2023). Além disso, uma das principais fontes de contaminação por *Salmonella* ocorre já na incubadora, por vias intracloacal, oral ou respiratória. As aves colonizadas excretam altos níveis do patógeno, o que pode explicar o número elevado de isolados encontrados nos swabs de cloaca e arrasto, correlacionando o status positivo do lote com a presença da bactéria. A ausência de isolados antes do alojamento sugere que a colonização já tenha ocorrido na incubadora. A reutilização da cama, apesar de ser uma prática comum, parece não ser a principal fonte de contaminação inicial, visto que a presença de amônia na cama pode elevar o pH, reduzindo as populações de *Salmonella* (CHEN et al., 2020; WANG et al., 2023).

No sistema de produção *antibiotic-free*, houve um menor número de isolamento de *Salmonella* spp., o que pode ser explicado pela ausência da pressão seletiva dos antibióticos. Em sistemas convencionais, o uso frequente de antibióticos promove a seleção e disseminação de cepas resistentes de *Salmonella*, enquanto sistemas livres de antibióticos adotam práticas de manejo e biossegurança mais rigorosas. Essas práticas incluem o uso de probióticos, prebióticos, bacteriófagos e vacinas como estratégias alternativas de controle, resultando em menor prevalência de *Salmonella* (RUVALCABA-GÓMEZ et al., 2022).

No abatedouro, as carcaças podem ser contaminadas por bactérias presentes no conteúdo intestinal, seja do próprio lote ou de lotes abatidos anteriormente. Contaminações cruzadas são facilitadas pelo uso de

equipamentos compartilhados e pelo transporte inadequado (ROUGER et al., 2017; SHIGEMURA et al., 2020) e etapas como escaldagem, depenagem e evisceração são momentos críticos para essa disseminação explicando assim a elevada prevalência nessa etapa do sistema convencional (ZENG et al., 2019).

De acordo com Klaharn et al. (2022), a falta de controle na temperatura da água durante a escaldagem aumenta significativamente o risco de contaminação bacteriana, incluindo *Salmonella* e *Escherichia coli*. Esses achados reforçam a necessidade de práticas rigorosas de controle de temperatura e higienização, visto que a escaldagem inadequada foi associada a um aumento de até cinco vezes na chance de contaminação em amostras de carne de frango.

Apesar do chiller ser um processo essencial para retardar a proliferação microbiana no processamento da carne, observou-se um aumento na incidência de *Salmonella* spp. após o pré-resfriamento, indicando uma possível disseminação entre carcaças contaminadas e não contaminadas, um controle de temperatura inadequado ou uma cloração ineficaz da água, conforme observado por Simas et al. (2023).

A presença de *Enterococcus* spp. foi outro ponto de destaque neste estudo. A análise revelou que, no sistema *antibiotic-free*, a prevalência de *Enterococcus* foi maior. Esses resultados indicam que a ausência de antibióticos no sistema *antibiotic-free* cria um ambiente onde bactérias comensais como *Enterococcus* podem proliferar com maior facilidade. De acordo com Jung et al. (2018), o uso reduzido de antimicrobianos permite uma maior colonização por *Enterococcus*, já que a pressão seletiva exercida pelos antibióticos no sistema convencional limita a presença desses microrganismos. Makarov et al. (2022) corroboram esse achado, relatando um número total de *Enterococcus* maior no sistema orgânico em comparação ao convencional.

Essa tendência foi observada em todas as fases de produção, com taxas de positividade de até 87,5% em swabs de arrasto no sistema convencional, enquanto no sistema *antibiotic-free*, essas taxas variaram de 50% a 100%, dependendo da categoria de amostra. Esses dados são consistentes com a literatura que aponta *Enterococcus* como um microrganismo resistente a condições adversas, sendo capaz de sobreviver a altas temperaturas e concentrações de sal, o que explica sua presença contínua ao longo da cadeia

produtiva, desde a granja até o abatedouro (MAKAROV et al., 2022; OSMAN et al., 2019).

Além disso, no abatedouro, a água do chiller apresentou uma positividade de 12,5% no sistema convencional e de 50% no sistema antibiotic-free. Esses dados podem refletir a carga microbiana que os animais carregam desde a criação até o processamento. A criação influencia diretamente a microbiota presente nos animais, e, nos sistemas antibiotic-free, a ausência de antibióticos pode favorecer a disseminação de microrganismos, como *Enterococcus*. Isso destaca a importância de práticas rigorosas de higiene e controle durante o processamento, que são essenciais para minimizar a presença de patógenos e garantir a qualidade do produto final, independentemente do sistema de produção (CAMPOS et al., 2013; JUNG et al., 2018; KLAHARN et al., 2022).

A literatura corrobora esses achados, com uma prevalência de contaminação por *Enterococcus* spp. em carne de frango que pode chegar a 96% das amostras, como reportado por Brown et al. (2021) e Xavier et al. (2008) indicando um risco de colonização persistente por essas bactérias ao longo da cadeia de produção.

4.2 RESISTÊNCIA ANTIMICROBIANA EM *Salmonella* spp.

Os resultados do presente estudo mostraram uma alta prevalência de resistência antimicrobiana em isolados de *Salmonella* spp. provenientes de sistemas de produção convencionais, com destaque para antibióticos como amoxicilina, ampicilina e ceftazidima. Elevados níveis de resistência podem ser relacionados ao uso extensivo de antibióticos no sistema de produção convencional, uma prática que favorece a seleção de cepas resistentes. Estudos prévios corroboram esses achados, indicando que o uso de antibióticos como promotores de crescimento em aves de corte está fortemente associado ao aumento da resistência bacteriana (VAN BOECKEL et al., 2019).

A emergência de cepas multirresistentes de *Salmonella* na produção de frango é uma preocupação crescente. Antunes et al. (2016) destacam que o uso frequente de antimicrobianos, tanto para tratamento quanto como promotores de crescimento, está associado ao surgimento de cepas resistentes, como *Salmonella* Kentucky, que apresenta alta resistência a fluoroquinolonas.

Neste estudo, observamos elevados níveis de resistência, especialmente para amoxicilina, ampicilina, ceftazidima, ácido nalidíxico, cefotaxima e tetraciclina, com resistência em mais de 95% dos isolados. A resistência à amoxicilina e ampicilina está frequentemente associada à presença de genes que codificam β -lactamases, como o *blaCTX-M*, encontrados em cepas de origem avícola, comprometendo a eficácia desses antibióticos. A resistência a cefalosporinas de terceira geração, como ceftazidima e cefotaxima, também é reportada, impulsionada pela disseminação de genes como *CTX-M* e *CMY-2*, que conferem resistência a esses antibióticos em cepas de *Salmonella* isoladas de frangos e humanos. Além disso, a resistência ao ácido nalidíxico foi amplamente observada em sorotipos como *S. Kentucky* e *S. Infantis*, e está associada à disseminação de clones resistentes em produtos de carne de frango. A resistência à tetraciclina é comumente encontrada em cepas multirresistentes, refletindo o uso generalizado de tetraciclina na produção avícola (ANTUNES et al., 2016).

Threlfall (2022) destacou que cepas multirresistentes, como *S. Typhimurium* DT 104, com resistência a ampicilina, cloranfenicol, sulfonamidas e tetraciclina, foram prevalentes em animais de produção desde os anos 1990. Em nosso estudo, observamos uma prevalência semelhante de multirresistência para esses antibióticos. Além disso, assim como relatado por Threlfall (2002), a resistência a fluoroquinolonas, como ciprofloxacina e ácido nalidíxico, foi observada em uma parcela significativa dos isolados, destacando a relevância desse problema, dado que fluoroquinolonas são antimicrobianos de primeira linha no tratamento de infecções graves por *Salmonella*.

A resistência antimicrobiana em *Salmonella* spp. continua sendo uma preocupação significativa na produção de frangos, conforme observado no estudo de Diarra et al., (2014) que identificou uma prevalência de 29% de *Salmonella Kentucky* e 23,8% de *S. Typhimurium*, com mais de 43% dos isolados apresentando resistência simultânea a ampicilina, amoxicilina, ceftiofur e ceftriaxona. Nossos achados também revelaram uma alta prevalência de resistência a antibióticos β -lactâmicos, especialmente amoxicilina e ampicilina, em isolados de carcaças de frango pós-resfriamento, o que reflete uma similaridade nos níveis de resistência observados em diferentes sistemas de produção. Em Diarra et al. (2014), 58,9% dos isolados de *S. Kentucky* eram

multirresistentes, resultado que se assemelha aos níveis observados em nossos isolados, particularmente no sistema convencional.

Os resultados de nosso estudo também se alinham com os achados de Shigemura et al. (2020) que identificaram 46,2% dos isolados de *Salmonella* em trabalhadores de alimentos no Japão como resistentes a pelo menos um antimicrobiano, incluindo cefotaxima (3,8%) e ceftazidima (3,8%). O estudo japonês também relatou 39,2% de resistência à tetraciclina, semelhante aos níveis observados em nossas amostras.

4.3 RESISTÊNCIA ANTIMICROBIANA EM *E. coli*

Os isolados de *Escherichia coli* deste estudo demonstraram uma alta taxa de resistência a diversos antibióticos. A maior resistência foi observada para ampicilina, amoxicilina e tetraciclina, todas acima de 80%. A resistência a múltiplos antibióticos foi prevalente em 83% dos isolados, o que levanta uma preocupação significativa de saúde pública, já que essas cepas podem transferir genes de resistência para outros patógenos. Estudos anteriores, como o de Ljubojevic et al. (2016) também indicam que *E. coli* isolada de sistemas de produção intensiva apresenta altos níveis de resistência antimicrobiana.

Ao comparar os sistemas de produção, observou-se que 95,6% dos isolados do sistema convencional foram classificados como multirresistentes, enquanto 70,2% dos isolados do sistema *antibiotic-free* apresentaram essa característica. Esses dados reforçam a vantagem dos sistemas *antibiotic-free* na redução da resistência antimicrobiana, corroborando os achados de Vieira et al. (2022), que também relataram menor resistência em *E. coli* provenientes de sistemas sem o uso de antibióticos em comparação aos sistemas convencionais.

Roth et al. (2019) destacam que o uso de tetraciclina, aminoglicosídeos, sulfonamidas e penicilinas é comum em regiões produtoras como Brasil, EUA, China e países da União Europeia (UE). As taxas de resistência a esses antibióticos ultrapassam 40% em todas as regiões, exceto para ampicilina nos EUA, onde a resistência foi inferior a 5%. De forma semelhante, no presente estudo também foi observada resistência a essas classes de antibióticos, corroborando a alta prevalência de resistência nos sistemas de produção convencionais. Nas regiões onde fluoroquinolonas são permitidas, como no Brasil e UE, Roth et al. (2019) relataram taxas de resistência superiores a 40%,

o que também foi observado no presente estudo, principalmente nos isolados do sistema convencional. Nos EUA, onde o uso de fluoroquinolonas é proibido, as taxas de resistência foram inferiores a 5%. Esses dados reforçam que, embora a regulamentação rigorosa do uso de antibióticos possa reduzir a resistência, como evidenciado no sistema *antibiotic-free* do presente estudo, ela não a elimina completamente.

Ijubojević et al. (2016) também destacam a cama de frango como um importante reservatório de cepas resistentes de *E. coli*. O uso contínuo de antibióticos nos sistemas convencionais contribui para o acúmulo de resíduos antimicrobianos nesse ambiente, favorecendo a seleção e a proliferação de cepas multirresistentes. Esses resultados corroboram com os dados deste estudo, em que a maior porcentagem de isolados de *E. coli* multirresistentes foi detectada nas amostras coletadas no aviário.

Os dados de Bortoli e Larsen (2023) destacam a elevada resistência de *E. coli* a vários antibióticos, com a amoxicilina apresentando uma taxa de resistência elevada e outros antibióticos, como lincomicina e neomicina, demonstrando resistência em 100% e 93,3% dos isolados, respectivamente. Esses achados corroboram a tendência crescente de multirresistência em *E. coli*, especialmente em sistemas de produção intensiva, onde o uso indiscriminado de antibióticos exerce uma forte pressão seletiva sobre as populações bacterianas.

A resistência ao imipenem foi relatada no estudo de Ramírez-Castillo et al. (2023) onde 15,6% dos isolados de *E. coli* apresentaram resistência. O presente estudo também identificou resistência ao imipenem tanto no sistema convencional quanto no *antibiotic-free*. Ramírez-Castillo et al. (2023) relacionam o aumento dos níveis de resistência com a produção das enzimas NDM-1 e NDM-5, que conferem resistência a essa classe de antibióticos em aves. A resistência aos carbapenêmicos é especialmente preocupante, pois esses antibióticos são considerados uma das últimas opções no tratamento de infecções por bactérias multirresistentes. A disseminação de cepas resistentes a carbapenêmicos, detectada tanto em outros sistemas de produção animal quanto no sistema convencional analisado, representa um risco crescente para a saúde pública, uma vez que reduz significativamente as opções terapêuticas para infecções graves.

A presença de *E. coli* em ambientes externos, especialmente em áreas com saneamento básico deficiente, é um fator crítico que contribui para a disseminação de cepas resistentes. Estudos realizados em áreas rurais demonstram que a contaminação da água de consumo com *E. coli* está diretamente relacionada à falta de infraestrutura adequada e ao armazenamento inadequado da água, o que pode impactar diretamente o ambiente de criação de frangos, favorecendo a introdução de cepas resistentes (GURGEL et al., 2020). Embora o sistema *antibiotic-free* apresente uma redução considerável na prevalência de resistência, especialmente em comparação com o sistema convencional, a persistência de cepas multirresistentes reforça a necessidade de práticas mais abrangentes no manejo e uso de antibióticos.

4.4 RESISTÊNCIA ANTIMICROBIANA EM *Enterococcus* spp.

Os isolados de *Enterococcus* spp. neste estudo demonstraram alta resistência a vários antibióticos. A resistência à clindamicina, eritromicina, vancomicina, teicoplanina e penicilina foi especialmente elevada, com todos apresentando valores acima de 90%. Essa resistência é particularmente preocupante no caso de vancomicina e teicoplanina, que são frequentemente utilizadas como última opção no tratamento de infecções graves. Estudos indicam que *Enterococcus* spp. isolados de animais de produção apresentam alta resistência a múltiplos antibióticos, mesmo em sistemas *antibiotic-free*. (MAK et al., 2022).

No estudo de Campos et al. (2013) realizado com 100 carcaças de frango, 100% das cepas de *Enterococcus* isoladas mostraram resistência a pelo menos um antimicrobiano, com destaque para tetraciclina (90,47% em *E. faecalis* e 100% em *E. faecium*), eritromicina (80,95% em *E. faecalis*) e ciprofloxacina (39,28% em *Enterococcus* spp.). Esses resultados são semelhantes aos deste estudo, que também identificou resistência significativa em isolados de *Enterococcus* em ambos os sistemas de produção.

Em nosso estudo, observou-se que os isolados de *Enterococcus* demonstraram altos níveis de resistência à vancomicina, com 94,5% dos isolados sendo resistentes. Essa resistência é frequentemente associada aos genes *vanA* e *van B*, responsáveis por conferir uma resistência intrínseca

elevada tanto à vancomicina quanto à teicoplanina (KRAWCZYK et al., 2021; MENDES et al., 2013).

Martinez-Laorden et al. (2023) relataram uma alta resistência a antibióticos em *Enterococcus faecalis* e *Enterococcus faecium* isolados de carnes de frango, peru, pato e codorna, com destaque para a resistência às tetraciclina, que atingiu até 70,27% nas amostras de frango. No presente estudo, os níveis de resistência observados foram elevados, com resistência a antibióticos como clindamicina (99,43%), eritromicina (98,86%) e vancomicina (94,50%) ultrapassando 90% dos isolados.

Kim et al. (2016), ao analisarem *Enterococcus* spp. isolados de carcaças de frango de produção convencional e orgânica na Coreia do Sul, observaram maior resistência à ciprofloxacina e eritromicina em carcaças de sistemas convencionais, enquanto a resistência à vancomicina e tigeciclina foi semelhante em ambos os sistemas. De forma semelhante, no presente estudo, as taxas de resistência à eritromicina foram ainda mais elevadas (98,86%) e 94,50% dos isolados mostraram resistência à vancomicina.

Além disso, Kilonzo-Nthenge et al. (2015) relataram resistência significativa em *Enterococcus* spp. isolados de frangos criados tanto em sistemas convencionais quanto orgânicos, com resistência à estreptomicina de 95,3% no sistema convencional e 74,4% no orgânico, e à eritromicina de 64,2% e 54,5%, respectivamente. Comparativamente, neste estudo, a resistência à eritromicina foi ainda maior, com 98,86% dos isolados resistentes, e 93,93% dos isolados resistentes à penicilina. Esses resultados indicam que, independentemente do sistema de produção, a resistência antimicrobiana é prevalente e representa um desafio contínuo para o controle em diferentes ambientes produtivos.

Os altos níveis de resistência observados podem estar relacionados com a capacidade de *Enterococcus* spp. de adquirir genes de resistência exógenos. No estudo de Makarov et al. (2022) foi relatado que *Enterococcus faecium* e *Enterococcus faecalis* isolados de frangos comerciais apresentaram resistência a uma variedade de antibióticos, incluindo bacitracina, eritromicina, gentamicina, e tetraciclina, além de possuírem genes que codificam para resistência a vancomicina e outros antimicrobianos. Esses achados reforçam a importância de estratégias eficazes durante a produção para mitigar a resistência, mesmo

em sistemas que não utilizam antibióticos, dado que a transferência horizontal de genes.

5 CONCLUSÃO

Este estudo mostrou uma alta prevalência de resistência antimicrobiana em *Salmonella* spp., *Escherichia coli* e *Enterococcus* spp. isolados da cadeia de produção avícola. Observou-se multirresistência (MDR) em 99,13% dos isolados de *Enterococcus* spp. no sistema convencional e 98,99% no *antibiotic-free*, enquanto *E. coli* apresentou MDR em 95,63% no sistema convencional e 70,16% no *antibiotic-free*. A resistência encontrada, especialmente a antibióticos críticos para a saúde humana, reforça a necessidade de práticas mais rigorosas no controle do uso de antimicrobianos na produção animal. Os resultados demonstram a importância da cadeia produtiva avícola como reservatório de cepas multirresistentes e reforçam a necessidade de medidas mais rigorosas para o uso de antibióticos.

Declaração de conflito de interesses

Não há conflitos de interesse.

Agradecimentos

Agradeço à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP), pelos apoios financeiros concedidos nos processos **2023/01185-6**, **2022/03062-6** e **23/01195-1**, e à Universidade Estadual Paulista (UNESP) pelo suporte acadêmico.

6 REFERÊNCIAS

- AGYARE, Christian; BOAMAH, Vivian Etsiapa; OSEI, Crystal Ngofi Zumbi; BOATENG, Frank. Antibiotic Use in Poultry Production and Its Effects on Antibiotic Use in Poultry Production and Its Effects on Bacterial Resistance. **IntechOpen**, [S. l.], v. 11, n. tourism, p. 13, 2016. Disponível em: <https://www.intechopen.com/books/advanced-biometric-technologies/liveness-detection-in-biometrics>.
- ALEXANDRINO, Samantha Leandro de Sousa Andrade; COSTA, Thiago Ferreira; SILVA, Nadya Gabrielly Dias Da; ABREU, Jessica Martins De; SILVA, Nathan Ferreira Da; SAMPAIO, Stéfane Alves; CHRISTOFOLI, Marcela; CRUZ, Lídia Caroline Ferreira. Microbiota intestinal e os fatores que influenciam na avicultura Intestinal microbiota and factors influencing poultry Microbiota intestinal y factores que influyen en la avicultura. [S. l.], v. 2020, p. 1–24, 2020.
- ALMEIDA, Mateus Lima; ALMEIDA, Marcos Lima; NERY, Karícia Lima de Freitas Bonfim; DE MELO, Danielly Silva; DA CRUZ, Abianã Santos; FORTES, Anna Beatriz Pinto Lima; DA SILVA, Antônio Wadson Nunes; DE LIMA, Nayara Brenda Batista; ALENCAR, Paulo Lúcio Pontes. Resistência bacteriana: uma ameaça global. **Brazilian Journal of Health Review**, [S. l.], v. 6, n. 5, p. 19741–19748, 2023. DOI: 10.34119/bjhrv6n5-028.
- ALÓS, Juan-ignacio. Resistencia bacteriana a los antibióticos : una crisis global &. [S. l.], v. 33, n. 10, p. 692–699, 2015.
- ANTUNES, P.; MOURÃO, J.; CAMPOS, J.; PEIXE, L. Salmonellosis: The role of poultry meat. **Clinical Microbiology and Infection**, [S. l.], v. 22, n. 2, p. 110–121, 2016. DOI: 10.1016/j.cmi.2015.12.004. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1016/j.cmi.2015.12.004>.
- AZEVEDO, G. de S.; SOUZA, J. P. L. De; CARDOSO, J. A.; ARAUJO, P. H. H.; NETA, E. R. dos S.; NOVAS, M. P. V. Poultry production in organic system. **Pubvet**, [S. l.], v. 10, n. 4, p. 327–333, 2016. Disponível em: <http://search.ebscohost.com/login.aspx?direct=true&db=lah&AN=20163103940&lang=es&site=ehost-live%0Ahttps://www.cabdirect.org/cabdirect/showpdf.aspx?PAN=http://www.cabi.org/cabdirect/showpdf.aspx?PAN=20163103940%0Ahttp://pubvet.com.br/uploads/d7aa228b9b158>.
- BELUSSO, Diane; HESPANHOL, Antonio Nivaldo. a Evolução Da Avicultura Industrial Brasileira E Seus Efeitos Territoriais. **Revista Percurso**, [S. l.], v. 2, n. 1, p. 25–51, 2010. DOI: 10.4025/revpercurso.v2i1.9855.
- BERG, C. Health and welfare in organic egg production. **Acta vet. scand.**, [S. l.], v. 95, p. 37–45, 2001. Disponível em: <http://www.wpsa.com/index.php/wpsa-proceedings/2017/x-european-symposium-on-poultry-welfare/3445-health-and-welfare-in-organic-egg-production/file>.
- BEZERRA, W. G. A.; HORN, R. H.; SILVA, I. N. G.; TEIXEIRA, R. S. C.; LOPES, E. S.; ALBUQUERQUE, A. H.; CARDOSO, E. Antibióticos no setor avícola: uma revisão sobre a resistência microbiana. **Archivos de Zootecnia**, [S. l.], v. 66, n. 254, p. 301–307, 2017. Disponível em: <https://www.uco.es/ucopress/az/index.php/az/>.
- BORTOLAIA, V.; ESPINOSA-GONGORA, C.; GUARDABASSI, L. Human health risks associated with antimicrobial-resistant enterococci and *Staphylococcus aureus* on poultry meat. **Clinical Microbiology and Infection**, [S. l.], v. 22, p.

130–140, 2016.

BORTOLI, Vitor Buss De; LARSEN, Sarah Felicitas. ANTIBIÓTICOS RESISTENTES A *Escherichia coli* EM FRANGOS DE CORTE NA REGIÃO OESTE E NORTE DO PARANÁ. **Arquivos Brasileiros de Medicina Veterinária FAG**, [S. l.], v. 6, n. 1, p. 137–150, 2023.

BRASIL. INSTRUÇÃO NORMATIVA Nº 1, DE 13 DE JANEIRO DE 2020 O. **SECRETARIA DE DEFESA AGROPECUÁRIA**, [S. l.], p. 2020, 2020.

BROWN, Eric W.; BELL, Rebecca; ZHANG, Guodong; TIMME, Ruth; ZHENG, J. I. E.; HAMMACK, Thomas S. Salmonella Genomics in Public Health and Food Safety. **EcoSal Plus**, [S. l.], v. 9, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1128/ecosalplus.ESP-0008-2020>.

BUNCIC, S.; SOFOS, J. Interventions to control Salmonella contamination during poultry, cattle and pig slaughter. **FRIN**, [S. l.], v. 45, n. 2, p. 641–655, 2012. DOI: 10.1016/j.foodres.2011.10.018. Disponível em:

<http://dx.doi.org/10.1016/j.foodres.2011.10.018>.

CAMPOS, Ana Claudia F. Borges De; SOUZA, Nara R.; SILVA, Patrícia H. C. Da; SANTANA, Ângela P. Resistência antimicrobiana em *Enterococcus faecalis* e *Enterococcus faecium* isolados de carcaças de frango. **Pesq. Vet. Bras.**, [S. l.], v. 33, n. 5, p. 575–580, 2013.

CHEN, Stanley H.; FEGAN, Narelle; KOCHARUNCHITT, Chawalit; BOWMAN, John P.; DUFFY, Lesley L. Impact of Poultry Processing Operating Parameters on and Their Shelf Life. [S. l.], v. 86, n. 12, p. 1–19, 2020.

CLINICAL AND LABORATORY STANDARDS INSTITUTE/NCCLS. **Performance Standards for Antimicrobial Susceptibility Testing; Fifteenth Informational Supplement**. Clinical and Laboratory Standards Institute, 940 West Valley Road, Suite 1400, Wayne, Pennsylvania 19087-1898 USA, 2022. v. 25

COSTA, Anderson Luiz Pena Da; JUNIOR, Antonio Carlos Souza Silva. Resistência bacteriana aos antibióticos e Saúde Pública: uma breve revisão de literatura. **Estação Científica (UNIFAP)**, [S. l.], v. 7, n. 2, p. 45, 2017. DOI: 10.18468/estcien.2017v7n2.p45-57.

COSTA, Marcio C.; BESSEGATTO, Jose A.; ALFIERI, Amauri A.; WEESE, J. Scott; FILHO, João A. B.; OBA, Alexandre. Different antibiotic growth promoters induce specific changes in the cecal microbiota membership of broiler chicken. **PLoS ONE**, [S. l.], v. 12, n. 2, p. 1–13, 2017. DOI: 10.1371/journal.pone.0171642.

DALMOLIN, Jaqueline; NAKANO, Robson Luiz; MARCUSSO, Paulo Fernandes; BOLETA-CERANTO, Daniela de Cássia Faglioni; COGO, Juliana; MELO, Patricia Gizeli Brassalli De; ZARDETO, Giuliana. Mecanismos De Expressão De Resistência Aos Antibióticos E Saúde Pública. **Arquivos de Ciências da Saúde da UNIPAR**, [S. l.], v. 26, n. 3, p. 681–692, 2022. DOI: 10.25110/arqsaude.v26i3.2022.8851.

DE ARAÚJO, Bruna Carolina; DE MELO, Roberta Crevelário; DE BORTOLI, Maritsa Carla; DE ALCÂNTARA BONFIM, José Ruben; TOMA, Tereza Setsuko. Prevention and control of antimicrobial resistance in Primary Health Care: evidence for policies. **Ciencia e Saude Coletiva**, [S. l.], v. 27, n. 1, p. 299–314, 2022. DOI: 10.1590/1413-81232022271.22202020.

DE REZENDE PERETTI, Ana Paula; ARAÚJO, Wilma Maria Coelho. Scope of safety requirement in quality certificates used in food production in Brazil. **Gestao e Producao**, [S. l.], v. 17, n. 1, p. 35–49, 2010. DOI: 10.1590/s0104-530x2010000100004.

- DIARRA, Moussa Sory; DELAQUIS, Pascal; REMPEL, Heidi; BACH, Susan; HARLTON, Colleen; ASLAM, Mueen; PRITCHARD, Jane; TOPP, Edward. Antibiotic resistance and diversity of *Salmonella enterica* serovars associated with broiler chickens. **Journal of Food Protection**, [S. l.], v. 77, n. 1, p. 40–49, 2014. DOI: 10.4315/0362-028.JFP-13-251. Disponível em: <https://doi.org/10.4315/0362-028.JFP-13-251>.
- FEIL, M. A. A.; SGAVIOLI, S.; DOMINGUES, C. H. F.; NÄÄS, I. A.; MOURA, J. B.; GARCIA, R. G. Evolução Da Produção E Exportação De Frangos De Corte No Estado Do Mato Grosso Do Sul. **Ars Veterinaria**, [S. l.], v. 35, n. 1, p. 26, 2019. DOI: 10.15361/2175-0106.2019v35n1p26-32.
- FLORES, Ariadna Milena Pessoa da Câmara; MELO, Cristiano Barros De. Principais Bactérias Causadoras De Doenças De Origem Alimentar. [S. l.], v. 37, n. 1, p. 65–72, 2014. DOI: 10.51161/ii-conbrasp/12726.
- GARCÍA-SOLACHE, Mónica; RICE, Louis B. The enterococcus: A model of adaptability to its environment. **Clinical Microbiology Reviews**, [S. l.], v. 32, n. 2, 2019. DOI: 10.1128/CMR.00058-18.
- GOTTARDO, Andressa; ELISE TEICHMANN, Cristiane; SANGALLI ALMEIDA, Raquel DE; FREITAS RIBEIRO, Laryssa. Uso Indiscriminado De Antimicrobianos Na Medicina Veterinária e o Risco Para Saúde Pública. **Getec**, [S. l.], v. 10, n. 26, p. 110–118, 2021.
- GURGEL, Raiana Silveira; SILVA, Lirna Salvioni Da; SILVA, Luciete Almeida. Investigação de coliformes totais e *Escherichia coli* em água de consumo da comunidade Lago do limão, Município de Iranduba – AM. **Brazilian Applied Science Review**, [S. l.], v. 4, n. 4, p. 2512–2529, 2020. DOI: 10.34115/basrv4n4-028.
- HALAWA, Esraa M. et al. Antibiotic action and resistance: updated review of mechanisms, spread, influencing factors, and alternative approaches for combating resistance. **Frontiers in Pharmacology**, [S. l.], v. 14, n. January, p. 1–17, 2023. DOI: 10.3389/fphar.2023.1305294.
- HANCHI, Hasna; MOTTAWEA, Walid; SEBEL, Khaled; HAMMAMI, Riadh. The genus *Enterococcus*: Between probiotic potential and safety concerns-an update. **Frontiers in Microbiology**, [S. l.], v. 9, n. AUG, p. 1–16, 2018. DOI: 10.3389/fmicb.2018.01791.
- JUNG, Arne et al. A Review of *Enterococcus cecorum* Infection in Poultry Review Article — A Review of *Enterococcus cecorum* Infection in Poultry. **BioOne**, [S. l.], v. 62, n. 3, p. 261–271, 2018.
- KHATER, Dalia F.; LELA, Radwa A.; EL-DIASTY, Mohamed; MOUSTAFA, Shawky A.; WARETH, Gamal. Detection of harmful foodborne pathogens in food samples at the points of sale by MALDT-TOF MS in Egypt. **BMC Research Notes**, [S. l.], v. 14, n. 1, p. 4–9, 2021. DOI: 10.1186/s13104-021-05533-8. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/s13104-021-05533-8>.
- KILONZO-NTHENGE, A.; BROWN, A.; NAHASHON, S. N.; LONG, D. Occurrence and Antimicrobial Resistance of *Enterococci* Isolated from Organic and Conventional Retail Chicken. **Journal of Food Protection**, [S. l.], v. 78, n. 4, p. 760–766, 2015. DOI: 10.4315/0362-028X.JFP-14-322.
- KIM, Y. J.; PARK, J. H.; SEO, K. H. Comparison of the loads and antibiotic-resistance profiles of *Enterococcus* species from conventional and organic chicken carcasses in South Korea. **Poultry Science**, [S. l.], v. 97, p. 271–278, 2016. DOI: <http://dx.doi.org/10.3382/ps/pex275> INTRODUCTION.
- KRAWCZYK, Beata; WITYK, Paweł; GAŁĘCKA, Mirosława; MICHALIK, Michał.

The many faces of enterococcus spp.—commensal, probiotic and opportunistic pathogen. **Microorganisms**, [S. l.], v. 9, n. 9, p. 1–20, 2021. DOI: 10.3390/microorganisms9091900.

LANGKABEL, Nina; BURGARD, Janine; FRETER, Sabrina; FRIES, Reinhard; MEEMKEN, Diana. Detection of Extended-Spectrum β -Lactamase (ESBL) E . coli at Different Processing Stages in Three Broiler Abattoirs. **Microorganisms**, [S. l.], v. 11, n. 2541, p. 1–12, 2023.

LEITE, Mariana dos Santos; GUSMÃO, Amanda do Carmo; GONTIJO, Bruna de Alcântara Veloso; GARCIA, Patricia Guedes. Perfil de resistência aos antimicrobianos de Escherichia coli isoladas de amostras de urina de pacientes de uma Unidade de Terapia Intensiva. **Revista Brasileira de Análises Clínicas**, [S. l.], v. 52, n. 3, p. 243–247, 2020. DOI: 10.21877/2448-3877.202100877.

LENTZ, Silvia Adriana Mayer. Atualização sobre Uso Racional de Antimicrobianos e Boas Práticas de Produção. **Opas/Mapa**, [S. l.], p. 1–50, 2022. Disponível em: https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/insumos-agropecuarios/insumos-pecuarios/resistencia-aos-antimicrobianos/publicacoes/Apostila_AtualizaosobreUsoRacionaldeAntimicrobi anoseBoasPrticasdeProduo.pdf.

LIMA, Kledaldo Oliveira De; PALMEIRA, Danylo Cesar Correia; COUTINHO, Virgínia Menezes; SILVA, Lílíada Gomes Da; BARROS, Rafaela Queiroz Ferreira; OLIVEIRA, Guilherme Antonio Lima De; GOMES, Andreza Cavalcanti Correia; MOURA, Izolda Maria Fernandes De; MARIA L, Maria CarolinaWanderley Costa de Medeiros. PREVALENCIA DA COLONIZAÇÃO OU INFECÇÃO POR ENTEROCOCCUS SPP RESISTENTES A VANCOMICINA DE PACIENTES INTERNADOS EM HOSPITAL TERCIÁRIO NO RECIFE-PE Kledaldo. [S. l.], v. 27, p. 102847, 2023.

LIMA, Felicson Leonardo Oliveira; ALMEIDA, Patrícia Carneiro; OLIVEIRA, Guilherme Antônio Lopes De. Enterococcus spp. resistant to vancomycin and its spread in infections in the hospital environment. **Research, Society and Development**, [S. l.], v. 21, n. 1, p. 1–9, 2020.

LJUBOJEVIĆ, D.; PUVAČA, N.; PELIĆ, M.; TODORVIĆ, D.; PAJIĆ, M.; MILANOV, D.; VELHNER, M. Epidemiological significance of poultry litter for spreading the antibiotic-resistant strains of Escherichia coli. **World's Poultry Science Journal**, [S. l.], v. 72, n. September, p. 485–494, 2016. DOI: 10.1017/S004393391600043X.

MABLOZ, Kenza Louazna. **Resistência microbiana aos antibióticos: Implicações no tratamento das infecções odontogénicas. Revisão sistemática integrativa**. 2023. [S. l.], 2023.

MAESTRI, Gabriela; SCHMELING, Tatiana Bender; VALCARENGHI, Daniela; LEMOS, Marla de Paula. QUANTIFICATION OF STAPHYLOCOCCUS AUREUS, ESCHERICHIA COLI AND RESISTANCE MECHANISMS IN THE HANDS OF FOOD HANDLERS IN HOSPITAL UANS IN SC. **Disciplinarum Scientia - Ciências da Saúde**, [S. l.], v. 21, n. 1, p. 91–105, 2020. DOI: 10.37777/dscs.v21n1-009.

MAK, Philip H. W.; REHMAN, Muhammad Attiq; KIARIE, Elijah G.; TOPP, Edward; DIARRA, Moussa S. Production systems and important antimicrobial resistant - pathogenic bacteria in poultry : a review. **Journal of Animal Science and Biotechnology**, [S. l.], v. 0, p. 1–20, 2022. DOI: 10.1186/s40104-022-00786-0. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/s40104-022-00786-0>.

MAKAROV, Dmitry A.; IVANOVA, Olga E.; POMAZKOVA, Anastasia V;

- EGOREVA, Maria A.; PRASOLOVA, Olga V. Antimicrobial resistance of commensal *Enterococcus faecalis* and *Enterococcus faecium* from food-producing animals in Russia. *[S. l.]*, v. 15, p. 611–621, 2022.
- MARRERO-MORENO, Carelia Martha; MORA-LLANES, Martha; HERNÁNDEZ-FILLOR, Rosa Elena; BÁEZ-ARIAS, Michel; GARCÍA-MOREY, Tania; ESPINOSA-CASTAÑO, Ivette. Identificación de enterobacterias productoras de betalactamasas de espectro extendido (BLEEs) en instalaciones porcinas de la provincia Matanzas. **Revista de Salud Animal**, *[S. l.]*, v. 39, n. 3, p. 00–00, 2017. Disponível em: http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0253-570X20170003000006&lng=es&nrm=iso&tling=es.
- MARTINEZ-LAORDEN, Alba; ARRAIZ-FERNANDEZ, Celia; GONZALEZ-FANDOS, Elena. Identification and characterisation of antimicrobial resistance of *Enterococcus* spp . isolated from pork and poultry meat. **International Journal of Food Science and Technology** **2023**, *[S. l.]*, v. 58, p. 4455–4463, 2023. DOI: 10.1111/ijfs.16562.
- MEDINA, Gabriel da Silva; CAFÉ, Marcos Barcellos; OLIVEIRA, Jofran Luiz De. Participação do capital brasileiro na cadeia produtiva do frango de corte: estratégia para o desenvolvimento do agronegócio nacional. **Revista Agropampa**, *[S. l.]*, v. 3, n. 3, p. 21–34, 2020. Disponível em: <https://www.researchgate.net/publication/348434546>.
- MELO, Eveny Silva De et al. Doenças transmitidas por alimentos e principais agentes bacterianos envolvidos em surtos no Brasil. **Pubvet**, *[S. l.]*, v. 12, n. 10, p. 1–9, 2018. DOI: 10.31533/pubvet.v12n10a191.1-9.
- MENDES, Fernanda Rodrigues; LEITE, Paulo Ricardo De Sá Da Costa; FERREIRA, Lídia Lopes; LACERDA, Maria Juliana Ribeiro; ANDRADE, Maria Auxiliadora. Utilização de antimicrobianos na avicultura. **Revista Eletrônica Nutritime**, *[S. l.]*, v. 10, n. 2, p. 2352–2389, 2013. Disponível em: www.nutritime.com.br.
- MIRANDA, Vanessa Silva; FERREIRA, Nayane Lopes; TOMAZ, Laressa Dacle; SILVA, Vitor Simão Da; SILVA, Karina Santos; DA-SILVA, Sérgio Eustáquio Lemos. Isolation and Biochemical Identification of *Salmonella* Spp. in Broilers. **Brazilian Journal of Development**, *[S. l.]*, v. 6, n. 11, p. 89982–89993, 2020. DOI: 10.34117/bjdv6n11-420.
- MONTORO-DASI, Laura; LORENZO-REBENAQUE, Laura; MARCO-FUERTES, Ana; VEGA, Santiago; MARIN, Clara. Holistic Strategies to Control *Salmonella* Infantis: An Emerging Challenge in the European Broiler Sector. **Microorganisms**, *[S. l.]*, v. 11, n. 1765, 2023. DOI: <https://doi.org/10.3390/microorganisms11071765>.
- MOREIRA, Natália Menezes; SOLA, Marília Cristina; FEISTEL, Janaina Costa; DE OLIVEIRA, Julierme José; DE FREITAS, Fernanda Antunha. OS MECANISMOS DE RESISTÊNCIA BACTERIANA DA *Salmonella* sp. FRENTE À UTILIZAÇÃO DE ANTIBIÓTICOS. **Enciclopédia Biosfera**, *[S. l.]*, v. 9, n. 16, p. 1131–1153, 2013. Disponível em: http://www.conhecer.org.br/enciclop/2013a/agrarias/os_mecanismos_de.pdf.
- MUNITA, JOSE M.; ARIAS, CESAR A. Mechanisms of antibiotic resistance. **Frontiers in Microbiology**, *[S. l.]*, v. 6, n. FEB, p. 1–24, 2015. DOI: 10.3389/fmicb.2015.00034.
- OLIVEIRA, Marcelo; PEREIRA, Kedina Damiana Silva; ZAMBERLAM, Cláudia Raquel. BACTERIAL RESISTANCE FROM THE INDISCRIMINATE USE OF ANTIBIOTICS: A PUBLIC HEALTH ISSUE. **Revista Ibero- Americana de**

Humanidades, Ciências e Educação- REASE, [S. l.], v. 6, n. 11, 2020. DOI: doi.org/10.29327/4426668.

OSMAN, Kamelia M.; BADR, Jihan; ORABI, Ahmed; ELBEHIRY, Ayman; SAAD, Aalaa; IBRAHIM, Mai D. S.; HANAFY, Mai H. Microbial Pathogenesis Poultry as a vector for emerging multidrug resistant *Enterococcus* spp.: First report of vancomycin (van) and the chloramphenicol – florfenicol (cat-fex-cfr) resistance genes from pigeon and duck faeces. **Microbial Pthogenesis**, [S. l.], v. 128, n. January, p. 195–205, 2019. DOI: 10.1016/j.micpath.2019.01.006. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.micpath.2019.01.006>.

PANDOLFI, José Rodrigo Cláudio; MOTA, Sandra Camile Almeida. O FUTURO DA AVICULTURA COMERCIAL NO CENÁRIO DE RETIRADA DE ANTIMICROBIANOS COMO MELHORADORES DE DESEMPENHO. **Avicultura Industrial**, [S. l.], p. 14–17, 2020.

PAULINO, Maria Tereza Frageri; OLIVEIRA, Evandro Menezes De; GRIESER, Daiane de Oliveira; TOLEDO, Juliana Beatriz. Criação de frangos de corte e acondicionamento térmico em suas instalações: Revisão. **Pubvet**, [S. l.], v. 13, n. 02, p. 1–14, 2019. DOI: 10.31533/pubvet.v13n3a280.1-14.

PERUZY, M. F.; MURRU, N.; YU, Z.; CNOCKAERT, M.; JOOSSENS, M.; PROROGA, Y. T. R.; HOUF, K. Determination of the microbiological contamination in minced pork by culture dependent and 16S amplicon sequencing analysis. **International Journal of Food Microbiology**, [S. l.], v. 290, n. September 2018, p. 27–35, 2019. DOI: 10.1016/j.ijfoodmicro.2018.09.025.

POPA, Gabriela Loredana; POPA, Mircea Ioan. Salmonella spp. Infection – a continuous threat worldwide. **Germs**, [S. l.], v. 11, n. 1, p. 88–96, 2021. DOI: 10.18683/germs.2021.1244.

RAMÍREZ-CASTILLO, Flor Y.; GUERRERO-BARRERA, Alma L.; AVELAR-GONZÁLEZ, Francisco J. An overview of carbapenem-resistant organisms from food-producing animals, seafood, aquaculture, companion animals, and wildlife. **Frontiers in Veterinary Science**, [S. l.], v. 10, 2023. DOI: 10.3389/fvets.2023.1158588.

RAPOSO, Ricardo da Silva; DEFENSOR, Raison Henrique; GRAHL, Thays Ractz. Uso de probióticos na avicultura para o controle da Salmonella spp.: revisão de literatura e perspectivas de utilização. **Pubvet**, [S. l.], v. 13, n. 04, p. 1–8, 2019. DOI: 10.31533/pubvet.v13n4a305.1-8.

REGITANO, Jussara Borges; LEAL, Rafael Marques Pereira. COMPORTAMENTO E IMPACTO AMBIENTAL DE ANTIBIÓTICOS USADOS NA PRODUÇÃO ANIMAL. **R. Bras. Ci. Solo**, [S. l.], n. 34, p. 601–616, 2010.

REIS, Túlio Leite; FLÁVIO, ;; VIEITES, Medeiros. ANTIBIÓTICO, PREBIÓTICO, PROBIÓTICO E SIMBIÓTICO EM RAÇÕES DE FRANGOS DE CORTE E GALINHAS POEDEIRAS (Antibiotic, prebiotic, probiotic and symbiotic in feeds of broiler chickens and laying hens). **Ciência Animal**, [S. l.], v. 29, n. 3, p. 133–147, 2019.

REYGAERT, Wanda C. An overview of the antimicrobial resistance mechanisms of bacteria. **AIMS Microbiology**, [S. l.], v. 4, n. 3, p. 482–501, 2018. DOI: 10.3934/microbiol.2018.3.482.

RODRIGUES, Maykon Vaz; YADA, Marcela Midori. Diferenças Entre Criação De Frango De Corte Convencional E O Sistema Dark House. **Revista Interface Tecnológica**, [S. l.], v. 15, n. 2, p. 360–369, 2018. DOI: 10.31510/infa.v15i2.451.

RODRIGUES, Wesley Osvaldo Pradella; GARCIA, Rodrigo Garófallo; NÄÄS,

- Irenilza de Alencar; ROSA, Carolina Obregão Da; CALDARELLI, Carlos Eduardo. Evolução da avicultura de corte no Brasil. **Enciclopédia Biosfera**, [S. l.], v. 10, n. 18, p. 1666–1684, 2014. Disponível em: <http://www.conhecer.org.br/enciclop/2014a/AGRARIAS/EVOLUCAO.pdf>.
- ROSA, Thatiane Duarte; SILVA, Gabriel Rodrigues; SOUZA, Cleide Barbieri D. E. Biorremediação: mecanismos de resistência bacteriana frente ao íon metálico mercúrio. **Revista UNILUS Ensino e Pesquisa**, [S. l.], v. 55, n. 13, p. 115–128, 2021.
- ROTH, Nataliya; KÄSBOHRER, Annemarie; MAYRHOFER, Sigrid; ZITZ, Ulrike; HOFACRE, Charles; DOMIG, Konrad J. The application of antibiotics in broiler production and the resulting antibiotic resistance in *Escherichia coli*: A global overview. **Poultry Science**, [S. l.], v. 98, n. 4, p. 1791–1804, 2019. DOI: 10.3382/ps/pey539.
- ROUGER, Amélie; TRESSE, Odile; ZAGOREC, Monique. Bacterial contaminants of poultry meat: Sources, Species, and Dynamics. **Microorganisms**, [S. l.], v. 5, n. 3, 2017. DOI: 10.3390/microorganisms5030050.
- RUVALCABA-GÓMEZ, José Martín; VILLAGRÁN, Zuamí; VALDEZ-ALARCÓN, Juan José; MARTÍNEZ-NÚÑEZ, Marcelino; GOMEZ-GODÍNEZ, Lorena Jacqueline; RUESGA-GUTIÉRREZ, Edmundo; ANAYA-ESPARZA, Luis Miguel; ARTEAGA-GARIBAY, Ramón Ignacio; VILLARRUEL-LÓPEZ, Angélica. Non-Antibiotics Strategies to Control Salmonella Infection in Poultry. [S. l.], n. Cdc, p. 1–29, 2022.
- SANTOS, Luana Maria; ROCHA, Jessé Ribeiro; CASALE, Daniele Sleutjes; PINHEIRO JÚNIOR, Osni Álamo. IMPORTÂNCIA DO MÉDICO VETERINÁRIO NA PRODUÇÃO DE ALIMENTO DE ORIGEM ANIMAL, PARA A SOCIEDADE: REVISÃO. **REVISTA CIENTÍFICA ELETRÔNICA DE MEDICINA VETERINÁRIA**, [S. l.], v. IV, n. 8, 2007.
- SANTOS, Renata Rangel Ferreira; FREITAS, Elizabeth Cristina Vieira De; FERREIRA, Maria Clara Carvalho; LOPES, Maria Raíssa Vieira; SAMPAIO, Milena Alves de Lima; FREITAS, Priscilla Ramos. Os Impactos Da Pandemia No Brasil Na Resistência a Antibióticos: Uma Revisão De Literatura. **Revista Interfaces: Saúde, Humanas e Tecnologia**, [S. l.], v. 11, n. 1, p. 1768–1771, 2023. DOI: 10.16891/2317-434x.v11.e1.a2023.pp1768-1771.
- SCHERER, Carolina Boesel; BOTONI, Larissa Silveira; COSTA-VAL, Adriane Pimenta. Mecanismos de ação de antimicrobianos e resistência bacteriana. Antimicrobial mechanisms of action and bacterial resistance. **Revista de Educação Continuada em Dermatologia e Alergologia Veterinária**, [S. l.], v. 4, n. 2017, p. 12–20, 2016.
- SCHMIDT, Nadia Solange; SILVA, Christian Luiz Da. Pesquisa e Desenvolvimento na Cadeia Produtiva de Frangos de Corte no Brasil. **Revista de Economia e Sociologia Rural**, [S. l.], v. 56, p. 467–482, 2017.
- SHIGEMURA, Hiroaki; SAKATSUME, ERI; SEKIZUKA, TSUYOSHI, YOKOYAMA, HIROSHI, HAMADA, KUNIHICO, ETOH, YOSHIKI, CARLE, Yuki; MIZUMOTO, SHIRO, HIRAI, E MARI MATSUI, Shinichiro; KIMURA, HIROKAZU, SUZUKI, MOTOI, ONOZUKA, DAISUKE, KURODA, Makoto; INOSHIMA, Yasuo; MURAKAMIE, Koichi. Food Workers as a Reservoir of Extended-Spectrum-Cephalosporin-Resistant Salmonella Strains in Japan. **Applied and Environmental Microbiology** aem.asm.org, [S. l.], v. 86, n. 13, p. 1–10, 2020.
- SILVA, EDUARDO GOMES DA; MENDES, MAIARA PEREIRA. Características E Prevenção Da Contaminação *Escherichia Coli*. **Revista Científica e-Locução**,

[S. l.], v. 1, n. 22, p. 17, 2022. DOI: 10.57209/e-locucao.v1i22.503.

SOUZA, Sulma Vanessa; DE SENA GANDRA, Érika Rosendo; DOS REIS NETO, José Francisco; GARCIA, Rodrigo Garófallo. Critical success factors in the production of broilers from the perception of the integrated producer of the region of Grande Dourados/MS. **Revista de Economia e Sociologia Rural**, [S. l.], v. 59, n. 3, p. 1–25, 2021. DOI: 10.1590/1806-9479.2021.226679.

TIAGO, Keyla Pereira et al. Frequência e resistência de uroculturas provenientes de pacientes internados na unidade de terapia intensiva do hospital municipal de Santarém-PA. **Revista Brasileira de Análises Clínicas**, [S. l.], v. 52, n. 1, p. 64–70, 2020. DOI: 10.21877/2448-3877.202000912.

VAN BOECKEL, Thomas P.; PIRES, João; SILVESTER, Reshma; ZHAO, Cheng; SONG, Julia; CRISCUOLO, Nicola G.; GILBERT, Marius; BONHOEFFER, Sebastian; LAXMINARAYAN, Ramanan. Global trends in antimicrobial resistance in animals in low- And middle-income countries. **Science**, [S. l.], v. 365, n. 6459, p. 1–6, 2019. DOI: 10.1126/science.aaw1944.

VIEIRA, Tatiana Regina; DE OLIVEIRA, Esther Ferrazza Cavinatto; CIBULSKI, Samuel Paulo; BORBA, Mauro Riegert; CARDOSO, Marisa. Antimicrobial resistance profiles in *Escherichia coli* isolated from whole-chicken carcasses from conventional, antibiotic-free, and organic rearing systems. **Semina: Ciências Agrárias**, [S. l.], v. 43, n. 5, p. 2093–2108, 2022. DOI: 10.5433/1679-0359.2022v43n5p2093.

WANG, J.; VADDU, S.; BHUMANAPALLI, S.; MISHRA, A.; APPLGATE, T.; SINGH, M.; THIPPAREDDI, H. A systematic review and meta-analysis of the sources of *Campylobacter* in poultry production (preharvest) and their relative contributions to the microbial risk of poultry meat. **Poultry Science**, [S. l.], v. 102, n. 10, p. 1–15, 2023. DOI: 10.1016/j.psj.2023.102905.

WEINSTEIN, Melvin P.; LEWIS, James S. CLSI Performance Standards for Antimicrobial Susceptibility Testing, 30th Edition. **CLSI**, [S. l.], v. 58, n. 3, 2020. DOI: 10.1128/JCM.01864-19.

XAVIER, D. B.; BERNAL, F. E. M.; ALMEIDA, R. T. Prevalência de enterococos isolados de frangos caipiras em diferentes regiões do Distrito Federal. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, [S. l.], v. 60, n. 6, p. 1550–1553, 2008. DOI: 10.1590/S0102-09352008000600036.

ZENG, H.; REU, K. De; GABRI, S.; MATTHEUS, W.; ZUTTER, L. De; RASSCHAERT, G. Salmonella prevalence and persistence in industrialized poultry slaughterhouses. **MICROBIOLOGY AND FOOD SAFETY**, [S. l.], 2019.

CAPÍTULO 3

1 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Altas frequências de *Escherichia coli* foram observadas neste estudo, sendo isoladas de uma ampla variedade de amostras, com exceção da água. Houve uma elevada resistência geral aos antimicrobianos, especialmente tetraciclina, amoxicilina, ciprofloxacina e cloranfenicol, antibióticos comumente utilizados na medicina humana e veterinária. Esses resultados representam uma importante preocupação de saúde pública, evidenciando que a exposição prolongada a esses antimicrobianos pode agravar o cenário já crítico de resistência. O achado mais preocupante foi a alta prevalência de isolados de *E. coli* multirresistentes (MDR), com 95,63 % dos isolados no sistema convencional e 70,16 % no *antibiotic-free*. A presença de *Salmonella* spp. multirresistente foi alta, especialmente no sistema convencional, onde 99,4% dos isolados apresentaram resistência a três ou mais classes de antibióticos. Esse dado é alarmante, visto que *Salmonella* é uma das principais responsáveis por surtos alimentares graves, e a resistência pode comprometer a eficácia dos tratamentos disponíveis. Em relação aos isolados de *Enterococcus* spp., não houve diferença significativa entre os sistemas de produção convencional e *antibiotic-free*, com ambos apresentando uma alta prevalência de resistência. Isso reforça que, independentemente do uso de antibióticos, o controle da resistência bacteriana em *Enterococcus* continua sendo um desafio em ambos os sistemas de produção. Esses resultados indicam que, embora o sistema *antibiotic-free* seja uma alternativa promissora para reduzir o uso de antimicrobianos, ele ainda enfrenta desafios no controle de bactérias multirresistentes, e novos estudos são necessários para compreender melhor os mecanismos de resistência e para explorar soluções alternativas, como melhorias nas práticas de manejo sanitário e biossegurança.