

# **“Investigação da Resistência Microbiana em Bactérias Isoladas de Animais de Companhia e dos Respectivos Humanos Contactantes: Uma Abordagem “One Health”**

**Vanessa Cristine Kobs**

## **Defesa:**

Joinville, 30 de agosto de 2021

## **Membros da Banca Examinadora:**

Prof. Dr. Paulo Henrique Condeixa de França (Orientador)

Prof. Dr. Nilton Erbert Lincopan Huenuman (USP)

Profa. Dra. Thais Cristine Marques Sincero (UFSC)

Profa. Dra. Roseneide Campos Deglmann (UNIVILLE)

## **Resumo**

Os animais de companhia vêm recebendo atenção crescente no contexto da resistência microbiana devido ao contato próximo com os humanos, o que oferece oportunidade para a transmissão de microrganismos resistentes. No entanto, ainda são escassos os dados sobre zoonoses e zooantroposes causados por bactérias resistentes em animais de estimação. Portanto, objetivou-se investigar o perfil epidemiológico e os marcadores fenotípicos e moleculares de resistência de bacilos Gram-negativos (BGNs) isolados de amostras clínicas ambulatoriais de cães e gatos e dos humanos contactantes. Foram realizados testes fenotípicos convencionais para definição das espécies microbianas e a determinação de sensibilidade aos antimicrobianos foi realizada pelo método de disco-difusão. A investigação quanto aos genes codificadores de  $\beta$ -lactamases de espectro estendido (ESBL), carbapenemases e do gene Mobile Colistin Resistance (*mcr*) foi realizada via Reação em Cadeia da Polimerase utilizando iniciadores específicos para cada gene. Foram incluídos 228 isolados clínicos bacterianos derivados de 191 de animais. Destes, 73,9% apresentaram positividade na investigação molecular para ESBL, com uma maior frequência para blaCTX-M. Além disso, 8 e 3 isolados que carregavam genes codificadores de ESBL foram concomitantemente positivos para os genes blaNDM-

1 e blaKPC, respectivamente. O gene mcr-1 foi identificado em dois isolados de BGNs. Um total de 24 humanos, referentes a 20 cães participaram da pesquisa. Foram observadas semelhanças genotípicas entre os isolados de 13 cães e seus respectivos tutores. Destaca-se que na amostra de um desses animais foi observada a presença do gene blaNDM-1, assim como na microbiota de dois de seus quatro respectivos tutores. Esses resultados sugerem o compartilhamento de genes codificadores de ESBL e carbapenemases entre os microrganismos de animais de companhia e seus respectivos tutores. Pelo nosso conhecimento, esse é o primeiro estudo mostrando a detecção de NDM-1 em cães e gatos, no Brasil. É altamente recomendável que medidas de controle sejam estabelecidas.

**Palavras-chave:** Resistência bacteriana a antimicrobianos, resistência bacteriana a múltiplos fármacos, Zoonose, Saúde Única.