

RESUMO - CIÊNCIAS AGRÁRIAS - MEDICINA VETERINÁRIA

**RESISTÊNCIA A B-LACTÂMICOS EM STAPHYLOCOCCUS SPP. ISOLADOS
DE ANIMAIS DOMÉSTICOS E SILVESTRES: IMPLICAÇÕES PARA A
SAÚDE ÚNICA**

Luana De Oliveira Silva (luana.oliveira2001@outlook.com)

Rebeca Praxedes Nogueira Dantas (rebeca.praxedes@hotmail.com)

Maria Rita Dager Costa Vieira (mariaritadager@ufrj.br)

Manuela De Jesus Pitta (20230027011@ufrj.br)

Sophia Marques Potz De Oliveira Da Costa (sophiapotz@ufrj.br)

?Mário Tatsuo Makita (tatsuomakita@gmail.com)

Letícia Baptista Pinto (lebp.bio@hotmail.com)

Dayanne Araújo De Melo (daymelo.com@gmail.com)

Theresse Camille Nascimento Holmström (theresseholmstrom@yahoo.com.br)

Miliane Moreira Soares De Souza (milianemss@gmail.com)

A resistência aos antimicrobianos é um dos principais desafios globais à saúde, constituindo-se em problema de elevada complexidade e impacto multissetorial. Embora se trate de um fenômeno natural associado à evolução bacteriana, a pressão seletiva intensificada pelo uso indiscriminado de antimicrobianos acelerou de maneira significativa a emergência e disseminação de cepas resistentes. No contexto da Saúde Única, seres humanos, animais e o ambiente compartilham microrganismos e genes de resistência, interligando

de forma indissociável os riscos e as estratégias de enfrentamento à este agravo sanitário. O gênero *Staphylococcus*, um microrganismo versátil, amplamente distribuído e de reconhecida relevância médica e veterinária, pode atuar como patógeno oportunista em diferentes espécies e em uma variedade de quadros infecciosos. Historicamente, essas bactérias eram sensíveis à penicilina e à meticilina; entretanto, rapidamente desenvolveram mecanismos adaptativos de resistência, como a produção de beta-lactamases, responsáveis pela inativação da penicilina, e a aquisição do gene *mecA*, que codifica a proteína de ligação alterada à penicilina (PBP2a), conferindo resistência a diversos antibióticos β -lactâmicos, incluindo meticilina e oxacilina. A disseminação desses mecanismos comprometeu a eficácia de antimicrobianos de primeira escolha e culminou na emergência do *Staphylococcus aureus* resistente à meticilina (MRSA). Desde a década de 1960, esse patógeno disseminou-se em hospitais, comunidades e ambientes associados a animais, configurando-se como um dos maiores desafios contemporâneos da resistência antimicrobiana.

Diante desse panorama, o presente estudo teve como objetivo caracterizar o perfil fenogenotípico de resistência a antimicrobianos β -lactâmicos em cepas de *Staphylococcus* spp. isoladas de diferentes espécies animais, com ênfase na detecção dos genes *blaZ* e *mecA*. Foram coletadas 288 amostras, abrangendo cães com otite externa e cães saudáveis oriundos de clínica particular no Rio de Janeiro (178 amostras), coelhos saudáveis pertencentes ao setor de cunicultura da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (30 amostras) e capivaras mantidas na mesma instituição (80 amostras). Os isolados bacterianos foram submetidos a métodos fenotípicos de identificação de acordo com Koneman e colaboradores (2018), seguidos de confirmação genotípica por reação em cadeia da polimerase (PCR), tanto para a identificação do gênero *Staphylococcus* spp. quanto para a detecção específica dos genes de resistência. Do total, 90 cepas foram confirmadas como pertencentes ao gênero *Staphylococcus*, sendo 53,3% das amostras oriundas de cães (48/90), 21,2% de coelhos (19/90) e 25,5% de capivaras (23/90). O gene *blaZ*, de produção de beta-lactamases, foi detectado em apenas cinco amostras (3 de cães e 2 de coelhos). Já o gene *mecA* foi identificado em 14,4% das cepas (13/90), distribuídas entre cães (4/13), coelhos (2/13) e capivaras (7/13). A taxa mais expressiva de *mecA* em capivaras (54% das positivas) é especialmente relevante, sugerindo que animais silvestres podem

atuar como reservatórios significativos de resistência, mesmo sem contato direto com antimicrobianos, reforçando o papel do ambiente e das interações entre fauna, humanos e animais domésticos na disseminação desses genes. Tais resultados demonstram que a resistência antimicrobiana não está restrita a ambientes clínicos ou de produção, mas também permeia a microbiota de animais saudáveis, ampliando o risco de circulação e transferência de resistência entre diferentes ecossistemas. Os resultados deste estudo alertam para a importância de aprofundar investigações em ambientes não convencionais e reforçam a urgência de ações intersetoriais no enfrentamento da resistência antimicrobiana, abordando-se o conceito de Saúde Única.

Palavras-chave: meca; bla_Z; mrsa; resistência antimicrobiana; saúde única.