

RESISTÊNCIA ANTIMICROBIANA DE *KLEBSIELLA PNEUMONIAE* NA AVICULTURA BRASILEIRA: IMPACTOS EPIDEMIOLÓGICOS E IMPLICAÇÕES PARA A SAÚDE PÚBLICA

Julio Ribeiro Lopes^{1,2}, Maria Fernanda Neto Campos^{1,2}, Gabrielle Venâncio Muniz
Souza^{1,2}, Vivyan Alice Clemente Vieira^{1,2}, Ariany Lacerda Nogueira^{1,2}, Rafaela Assis
Machado^{2,3}, Emília Maricato Pedro dos Santos^{1,2}

¹Universidade Federal de Juiz de Fora, Faculdade de Medicina, Departamento de Medicina Veterinária, Curso de Medicina Veterinária (julio.lopez@estudante.ufjf.br, maria.fernanda@estudante.ufjf.br, gabrielle.venancio@estudante.ufjf.br, vivyan.clemente@estudante.ufjf.br, arianylacerda1999@gmail.com, emilia.maricato@ufjf.br); ²Grupo de Pesquisa em Inspeção, Tecnologia e Controle de Qualidade de Produtos de Origem Animal da Universidade Federal de Juiz de Fora – GPPoa UFJF

³Universidade Federal de Viçosa, Centro de Ciências Agrárias, Departamento de Zootecnia (rafaela.machado@ufv.br)

1. INTRODUÇÃO

A avicultura de corte brasileira ocupa posição de destaque no cenário global do agronegócio, configurando-se como um dos principais segmentos da produção de proteína animal. Em 2023, o Brasil alcançou uma produção de 14,833 milhões de toneladas de carne de frango, consolidando-se como o segundo maior produtor mundial, atrás apenas dos Estados Unidos da América (EUA), cuja produção atingiu 21,095 milhões de toneladas. Desse total, aproximadamente, 5,296 milhões de toneladas (35 %) foram destinadas à exportação, enquanto os 65 % abasteceram o mercado interno, resultando em um consumo *per capita* de 45,1 kg/habitante no referido ano, e o valor bruto da produção avícola brasileira para fins de corte totalizou R\$ 91,6 bilhões (ABPA, 2024).

Com o desenvolvimento acentuado da avicultura industrial, a utilização de antimicrobianos na produção tornou-se uma prática amplamente adotada, não apenas para o tratamento de infecções bacterianas, mas também como medida profilática e como promotores do crescimento dos animais. Ainda, diversos estudos têm evidenciado que a crescente resistência bacteriana aos antimicrobianos está fortemente associada ao uso indiscriminado destes fármacos na medicina humana (Rocha *et al.*, 2016; Sampaio; Gales, 2016; Woerther *et al.*, 2013). Adicionalmente, existem evidências de que enterobactérias comensais e patogênicas, como é o caso de *Klebsiella pneumoniae*, podem ser transferidas dos animais para os seres humanos por meio da cadeia alimentar ou por contato direto, o que tem contribuído para o surgimento e disseminação de bactérias multirresistentes (Hartantyo *et al.*, 2020). É importante destacar a microbiota intestinal de animais de produção é reconhecida como um importante reservatório de bactérias, incluindo cepas que podem conter e disseminar genes de resistência a antimicrobianos, representando um risco emergente à saúde pública (Tan *et al.*, 2023).

Dessa forma, torna-se evidente a relevância da avicultura de corte, não apenas pelo seu protagonismo na produção de proteína animal, mas também pelo expressivo valor econômico gerado. A partir desse cenário, impõe-se a necessidade de atenção

aos desafios sanitários que permeiam o setor, com destaque para as enfermidades bacterianas, as quais impactam diretamente nos índices zootécnicos, na viabilidade econômica e na sustentabilidade da cadeia produtiva. Tal problemática afeta tanto países desenvolvidos quanto em desenvolvimento e seus efeitos incluem a ocorrência de surtos de doenças com altas taxas de mortalidade, redução do desempenho produtivo, aumento dos custos operacionais e maior demanda por intervenções terapêuticas. Nesse contexto, a utilização de antimicrobianos assume papel central no controle de enfermidades de aves de corte, evidenciando a complexidade e relevância do tema (Tigabie *et al.*, 2025).

Considerando a crescente complexidade sanitária associada à produção avícola intensiva, o presente estudo objetivou analisar a ocorrência de *K. pneumoniae*, com ênfase na caracterização da sua resistência aos antimicrobianos, bem como nas implicações para a saúde pública. Essa é uma abordagem integrada, alinhada aos princípios de saúde única, buscando compreender os riscos associados à disseminação de cepas multirresistentes, considerando a interface entre os sistemas de produção animal e a saúde humana.

2. METODOLOGIA

O presente trabalho configura-se como uma revisão de literatura integrativa que versa sobre a ocorrência de *K. pneumoniae* na avicultura brasileira, com ênfase na resistência aos antimicrobianos por essa bactéria e suas implicações para a saúde pública, no contexto da abordagem integrada de saúde única. Para tanto, foi realizada uma busca sistematizada das informações nas bases de dados *National Library of Medicine (PubMed)* e *ScienceDirect*, utilizando-se os descritores “antimicrobial”, “*Klebsiella*”, “poultry” “resistance”, combinados por meio do operador “and”, para o cruzamento de dados. A coleta de dados foi realizada em abril de 2025, priorizando-se publicações em língua inglesa no período compreendido entre 2008 e 2025. Os critérios de inclusão contemplaram estudos que apresentavam os descritos no título e/ou nas palavras-chave, excluindo-se os trabalhos com data de publicação anterior ao período de busca estipulado assim como os duplicados e, ainda, cartas ao editor, monografias, teses e dissertações. Obteve-se, aproximadamente, 24.400 publicações, elegendo-se 39 referências para leitura e discussão do tema. As informações obtidas foram organizadas e sintetizadas na forma deste trabalho.

3. DISCUSSÃO

Klebsiella pneumoniae é uma bactéria Gram-negativa, encapsulada, em forma de bastonete, imóvel, oxidase-negativa e fermentadora de lactose (Ramos *et al.*, 2014). A presença da cápsula polissacarídica espessa constitui uma característica fenotípica distintiva dos membros dessa espécie da maioria das outras bactérias Enterobacteriaceae (Drancourt, 2015), conferindo uma maior resistência ao processo de fagocitose e favorecendo a adesão às superfícies epiteliais (Wyres *et al.*, 2016) com o auxílio das fímbrias (Choby *et al.*, 2019). Trata-se de uma bactéria ubíqua, que habita em diversos nichos ecológicos, como água, solo, plantas, além da superfície mucosa de mamíferos, podendo atuar como patógeno oportunista,

responsável pela ocorrência de infecções graves em diferentes hospedeiros (Li *et al.*, 2022).

Embora *K. pneumoniae* faça parte da microbiota humana natural, sendo identificada, em 3,8 % e 9,5 % das amostras de fezes e *swabs* nasais de indivíduos saudáveis, respectivamente (Conlan *et al.*, 2012), o aumento do número de infecções nosocomiais, particularmente aquelas associadas aos sistemas respiratório e genito-urinário, bem como à corrente sanguínea, revela a sua relevância emergente para a saúde pública (Dorman; Short, 2017; Martin; Bachman, 2018).

A resistência antimicrobiana configura-se como uma ameaça crescente à saúde pública global, principalmente no contexto da indústria de alimentos, e produtos alimentícios, como a carne de frango, podem atuar como reservatórios significativos de patógenos resistentes a antimicrobianos. Em um estudo realizado em Sylhet, Bangladesh, observou-se que 48,77 % das amostras de carne de frango estavam contaminadas com *Klebsiella* spp., das quais 34,74 % apresentaram enzima produtora de beta-lactamase de espectro estendido (ESBL). Além disso, os isolados de *Klebsiella* spp. demonstraram multirresistência a uma série de antimicrobianos, incluindo ampicilina, cefuroxima e ceftazidima. Estes achados demonstram a necessidade urgente de se implementar estratégias eficazes de segurança dos alimentos, acompanhadas de programas de monitoramento da resistência aos antimicrobianos, visando mitigar a disseminação de patógenos multirresistentes ao longo da cadeia alimentar (Tanni *et al.*, 2025).

Diversos casos de *K. pneumoniae* resistentes a antimicrobianos foram reportados (Caspar *et al.*, 2017; Hagiya *et al.*, 2017; Lin *et al.*, 2018; Zhang *et al.*, 2023), fato que ressalta a importância do uso criterioso dos antimicrobianos. Aliado a isso, o surgimento de cepas multirresistentes, especialmente às cefalosporinas de 3ª geração, tem se tornado um problema grave, dada a limitação de opções terapêuticas eficazes para o tratamento das infecções causadas por essas linhagens resistentes (Pitout; Laupland, 2008; Projahn *et al.*, 2019).

Não obstante, as infecções por *K. pneumoniae* também podem estar associadas ao consumo de alimentos contaminados, que atuam como um vetor para a transmissão do microrganismo (Calbo *et al.*, 2011), já tendo sido isolada de carne crua (Davis *et al.*, 2015; Guo *et al.*, 2016), vegetais crus (Puspanadan *et al.*, 2012) e alimentos prontos para o consumo, como queijos, salames e alimentos comercializados de maneira informal (Crippa *et al.*, 2023; Giri *et al.*, 2021).

Diante desse cenário, torna-se ainda mais relevante compreender os mecanismos moleculares que sustentam a presença e persistência de *K. pneumoniae* multirresistente ao longo da cadeia produtiva de alimentos. A manutenção desta bactéria em ambientes avícolas, mesmo após anos de interrupção do uso de colistina, revela a complexidade dos determinantes genéticos envolvidos na resistência antimicrobiana. Diversos isolados demonstraram resistência à colistina mesmo na ausência do gene *mcr* (gene que confere resistência à colistina), sugerindo a atuação de mutações cromossômicas ou outros mecanismos ainda não totalmente elucidados. Além disso, foram identificados plasmídios multirreplicons do tipo IncF, contendo não apenas genes de resistência a antimicrobianos, mas também determinantes de tolerância a elementos tóxicos, como o cobre, indicando um possível processo de co-seleção favorecido por práticas zootécnicas, como a utilização deste mineral como aditivo alimentar. A elevada similaridade entre esses

plasmídeos com aqueles encontrados em isolados clínicos humanos reforça o papel potencial da avicultura como reservatório e vetor na disseminação dessa resistência. Estes achados reforçam a urgência de ações integradas de vigilância e controle sanitário, alinhadas ao conceito de Saúde Única (Mourão *et al.*, 2023).

Em se tratando de medicina humana, *K. pneumoniae* produtora de ESBL são de importância crítica tendo em vista a sua alta morbidade e mortalidade, ao passo que a sua importância também é relatada na medicina veterinária, especialmente quando se trata de frangos de corte, que são incriminados como uma possível fonte de exposição de seres humanos a bactérias resistentes a antimicrobianos (Zogg *et al.*, 2016). O conhecimento das fontes de contaminação é um fator importante para o desenvolvimento e aplicação de medidas de intervenção contra a propagação de *K. pneumoniae* produtora de ESBL durante as etapas de beneficiamento do frango (Mahfouz *et al.*, 2018). Ainda, a disseminação deste microrganismo no ambiente, seja via cadeia alimentar ou por contato direto, precisa ser evitada, uma vez que também contribui para a transmissão de características de resistência a antimicrobianos (Martin *et al.*, 2017).

Estudos demonstram que *K. pneumoniae* também pode ser transmitida em ambiente hospitalar, sobretudo por meio do contato indireto entre pacientes, frequentemente mediado por profissionais de saúde, que reutilizam equipamentos de proteção individual, como luvas e aventais. Em uma análise conduzida com 166 isolados de *K. pneumoniae* produtora de carbapenemase (CRKp) em hospitais nos EUA, revelou uma grande diversidade genética entre as amostras, com destaque predominante do gene ST258. A transmissão foi mais intensa entre pacientes submetidos ao uso de dispositivos mais invasivos, como sondas nasogástricas e tubos endotraqueais. Embora a heterogeneidade genômica seja marcante, os principais fatores associados à disseminação do microrganismo estão correlacionados com as condições clínicas dos pacientes, especialmente quando há envolvimento do sistema respiratório. Tais evidências reforçam a necessidade de práticas rigorosas de controle de infecções, com ênfase especial nas unidades de terapia intensiva (Hazen *et al.*, 2023).

Assim, *K. pneumoniae* resistente a carbapenêmicos (CRKp) tem emergido como um patógeno preocupante em ambientes hospitalares, sendo associada a infecções de difícil manejo terapêutico, tanto em contextos comunitários quanto nosocomial (Zou *et al.*, 2023). Um fator agravante é a sua capacidade de rápida transmissão de elementos genéticos capazes de conferir genes de patogenicidade a outros microrganismos, ampliando seu impacto clínico e epidemiológico (Tsioutis *et al.*, 2021). Enterobacteriaceae Produtoras de Carbapenemases (CPE) representam uma das ameaças mais urgentes à saúde humana, sendo frequentemente encontradas em ambientes hospitalares, mas também em reservatórios de águas residuais, os quais desempenham um papel importante na transmissão destes patógenos (Mathers *et al.*, 2020).

A disseminação de CRKp configura-se como um dos principais desafios contemporâneos para saúde pública, sobretudo pela limitação das opções terapêuticas eficazes. Nesse contexto, a fagoterapia tem emergido como uma alternativa promissora aos antimicrobianos convencionais. Um exemplo notável é o bacteriófago vB_KpnP_23, isolado de esgoto hospitalar, que demonstrou elevada atividade lítica contra cepas produtoras de carbapenemase, incluindo a linhagem

hipervirulenta ST11-K64, frequentemente associada a quadros infecciosos graves. Este fago apresentou características favoráveis para aplicação terapêutica, como estabilidade em diferentes ambientes e ausência de genes codificadores de resistência ou fatores virulência. Ensaios *in vitro* também evidenciaram um efeito sinérgico entre os bacteriófagos e antimicrobianos, como meropenem e levofloxacino, resultando em melhor eficácia antimicrobiana. Estes achados apontam para o potencial uso combinado de fagos e antimicrobianos como estratégia viável no enfrentamento de infecções causadas por bactérias multirresistente, em consonância com os princípios integrativos do conceito de saúde única (Tsitsos *et al.*, 2025; Wang *et al.*, 2024).

Por fim, a partir de isolados clínicos de *K. pneumoniae* obtidos em hospitais públicos do estado de Pernambuco, Brasil, observou-se um perfil de multirresistência a antimicrobianos pertencentes às classes dos β -lactâmicos, quinolonas e aminoglicosídeos. Tal resistência é mediada por um conjunto de mecanismos genéticos, entre os quais se destacam genes plasmidiais e mutações em regiões cromossômicas associadas à resistência antimicrobiana. A identificação de *sequence types* (STs), marcadores genéticos utilizados para a classificação de linhagens bacterianas, com ampla distribuição internacional, como ST15 e ST11 reconhecidos por seu envolvimento em surtos de infecções hospitalares e elevada capacidade de disseminação, evidencia o potencial de transferência horizontal de determinantes de resistência, intensificado pela circulação policlonal destas linhagens no ambiente hospitalar. Ainda, a redução na expressão da proteína de membrana externa OmpK36 foi identificada como um fator adicional que contribuiu para a resistência aos carbapenêmicos, ao dificultar a entrada destes antimicrobianos na célula bacteriana (Souza *et al.*, 2023).

4. CONSIDERAÇÕES FINAIS

A presença de *Klebsiella pneumoniae* multirresistente na avicultura, associada à resistência antimicrobiana, representa um desafio sanitário relevante à saúde pública, dada sua persistência na cadeia produtiva mesmo sem pressão seletiva direta. A similaridade genotípica entre isolados de origem animal e humana reforça o potencial de disseminação interespecie, ressaltando a importância do monitoramento integrado. Nesse sentido, o enfrentamento da resistência antimicrobiana requer medidas de vigilância, controle e alternativas terapêuticas alinhadas à abordagem de saúde única, considerando a interface entre produção animal e saúde humana.

Palavras-chave: Bactéria; Multirresistência; Produção avícola; Segurança de alimentos.

5. REFERÊNCIAS

ABPA. Associação Brasileira de Proteína Animal. Relatório Anual 2024. 2025. Disponível em:

https://abpa-br.org/wp-content/uploads/2024/04/ABPA-Relatorio-Anual-2024_capa_frango.pdf
f. Acesso em: 26 abr. 2025

CALBO, E.; FREIXAS, N.; XERCAVINS, M.; RIERA, M.; NICOLÁS, C.; MONISTROL, O.; SOLÉ, M.; ROSA SALA, M.; VILA, J.; GARAU, J. Foodborne nosocomial outbreak of SHV1 and CTX-M-15-producing *Klebsiella pneumoniae*: epidemiology and control. **Clinical Infectious Diseases**, v. 52, n. 6, p. 743-749, 2011. DOI: 10.1093/cid/ciq238

CASPAR, Y.; MAILLET, M.; PAVESE, P.; FRANCONY, G.; BRION, J.P.; MALLARET, M.R.; BONNET, R.; ROBIN, F.; BEYROUTHY, R.; MAURIN, M. Mcr-1 colistin resistance in ESBL-producing *K. pneumoniae*, France. **Emerging Infectious Diseases**, v. 23, n. 5, p. 874, 2017. DOI: 10.3201/eid2305.161942.

CHOBY, J.E.; HOWARD-ANDERSON, J.; WEISS, D.S. Hipervirulent *Klebsiella pneumoniae* – clinical and molecular perspectives. **Journal of Internal Medicine**, v. 287, n. 3, p. 283-300, 2019. DOI: 10.1111/joim.13007.

CONLAN, S.; KONG, H.H.; SEGRE, J.A. Species-level analysis of DNA sequence data from the NIH human microbiome project. **PLoS One**, v. 7, n. 10, e47075, 2012. DOI: 10.1371/journal.pone.0047075.

CRIPPA, C.; PASQUALI, F.; RODRIGUES, C.; DE CESARE, A.; LUCCHI, A.; GAMBI, L.; MANFREDI, G.; BRISSE, S.; PALMA, F. Genomic features of *Klebsiella* isolates from artisanal ready-to-eat food production facilities. **Scientific Reports**, v. 13, n. 1, p. 10957-10969, 2023. DOI: 10.1038/s41598-023-37821-7.

DAVIS, G.S.; WAITS, K.; NORDSTROM, L.; WEAVER, B.; AZIZ, M.; GAULD, L.; GRANDE, H.; BIGLER, R.; HORWINSKI, J.; PORTER, S.; STEGGER, M.; JOHNSON, J.R.; LIU, C.M.; PRICE, L.B. Intermingled *Klebsiella pneumoniae* populations between retail meats and human urinary tract infections. **Clinical Infectious Diseases**, v. 61, n. 6, p. 892-899, 2015. DOI: 10.1093/cid/civ428.

DORMAN, M.J.; SHORT, F.L. *Klebsiella pneumoniae*: when a colonizer turns bad. **Nature Reviews Microbiology**, v. 15, n. 7, p.384-384, 2017. DOI: 10.1016/j.cmico.2024.100012.

DRANCOURT, A. L. *Klebsiella*. **Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria**, p. 1–26, 2015. DOI: 10.1002/9781118960608.gbm01150.

GIRI, S.; KUDVA, V.; SHETTY, K.; SHETTY, V. Prevalence and characterization of extended-spectrum β -lactamase-producing antibiotic-resistant *Escherichia coli* and *Klebsiella pneumoniae* in ready-to-eat street foods. **Antibiotics**, v. 10, n. 7, p. 850-860, 2021. DOI: 10.3390/antibiotics10070850.

GUO, Y.; ZHOU, H.; QIN, L.; PANG, Z.; QIN, T.; REN, H.; PAN, Z.; ZHOU, J. Frequency, antimicrobial resistance and genetic diversity of *Klebsiella pneumoniae* in food samples. **PLoS One**, v. 11, n. 4, p. e0153561, 2016. DOI: 10.1371/journal.pone.0153561.

HAGIYA, H.; AOKI, K.; AKEDA, Y.; SAKAMOTO, N.; YAMAMOTO, N.; YOSHIDA, H.; NISHI, I.; ISHII, Y.; TOMONO, K. Nosocomial transmission of carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae* elucidated by single-nucleotide variation analysis: a case investigation. **Infection**, v. 45, p. 221-225, 2017. DOI: 10.1007/s15010-017-0986-3.

HARTANTYO, S.H.P.; CHAU, M.L.; KOH, T.H.; YAP, M.; YI, T.; CAO, D.Y.H.; GUTIÉRREZ, R.A.; NG, L.C. Foodborne *Klebsiella pneumoniae*: virulence potential, antibiotic resistance,

and risks to food safety. **Journal of Food Protection**, v. 83, n. 7, p. 1096-1103, 2020. DOI: 10.4315/JFP-19-520.

HAZEN, T. H.; ADEDIRAN, T.; HITCHCOCK, S.; O'HARA, L. M.; PINELES, L.; MICHALSKI, J. M.; JOHNSON, J. K.; NGUYEN, M. H.; CALFEE, D. P.; MILLER, L. G.; HARRIS, A. D.; RASKO, D. A. Clinical and bacterial characteristics associated with glove and gown contamination by carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae* in the health care setting. **Microbiology Spectrum**, v. 11, n. 4, 2023. DOI:10.1128/spectrum.01775-23.

LI, Z.; XIN, L.; PENG, C.; LIU, C.; WANG, P.; YU, L.; LIU, M.; WANG, F. Prevalence and antimicrobial susceptibility profiles of ESBL-producing *Klebsiella pneumoniae* from broiler chicken farms in Shandong Province, China. **Poultry Science**, v. 101, n. 9, p. 102002, 2022. DOI: 10.1016/j.psj.2022.102002.

LIN, Y.T.; CHENG, Y. H.; JUAN, C.H.; WU, P.U.; HUANG, Y.W.; CHOU, S.H.; YANG, T.C.; WANG, F.D. High mortality among patients infected with hypervirulent antimicrobial-resistant capsular type K1 *Klebsiella pneumoniae* strains in Taiwan. **International Journal of Antimicrobial Agents**, v. 52, n. 2, p. 251-257, 2018. DOI: 10.1016/j.ijantimicag.2018.06.008.

MAHFOUZ, N.; CAUCCI, S.; ACHATZ, E.; SEMMLER, T.; GUENTHER, S.; BERENDONK, T.U.; SCHROEDER, M. High genomic diversity of multi-drug resistant wastewater *Escherichia coli*. **Scientific Reports**, v. 8, n. 1, p. 8928, 2018. DOI: 10.1038/s41598-018-27292-6.

MARTIN, J.; PHAN, H.T.T.; FINDLAY, J.; STOESSER, N.; PANKHURST, L.; NAVICKAITE, I.; DE MAIO, N.; EYRE, D.W.; TOOGOOD, G.; ORSI, N.M.; KIRBY, A.; YOUNG, N.; TURTON, J.F.; HILL, R.L.R.; HOPKINS, K.L.; WOODFORD, N.; PETO, T.E.A.; WALKER, A.S.; CROOK, D.W.; WILCOX, M.H. Covert dissemination of carbapenemase-producing *Klebsiella pneumoniae* (KPC) in a successfully controlled outbreak: long- and short-read whole-genome sequencing demonstrate multiple genetic modes of transmission. **Journal of Antimicrobial Chemotherapy**, v. 72, n. 11, p. 3025-3034, 2017. DOI: 10.1093/jac/dkx264.

MARTIN, R. M.; BACHMAN, M. A. Colonization, infection, and the accessory genome of *Klebsiella pneumoniae*. **Frontiers in Cellular and Infection Microbiology**, v. 8, n. 4, p. 1–15, 2018. DOI: 10.3389/fcimb.2018.00004.

MATHERS, A.J.; VEGESANA, K.; GERMAN-MESNER, I.; AINSWORTH, J.; PANNONE, A.; CROOK, D.W.; SIFRI, C.D.; SHEPPARD, A.; STOESSER, N.; PETO, T.; WALKER, A.S.; EYRE, D.W. Risk factors for *Klebsiella pneumoniae* carbapenemase (KPC) gene acquisition and clinical outcomes across multiple bacterial species. **Journal of Hospital Infection**, v. 104, n. 4, p. 456-468, 2020. DOI: 10.1016/j.jhin.2020.01.005.

MOURÃO, J.; RIBEIRO-ALMEIDA, M.; NOVAIS, C.; MAGALHÃES, M.; REBELO, A.; RIBEIRO, S.; PEIXE, L.; NOVAIS, Â.; ANTUNES, P. *From farm to fork: persistence of clinically relevant multidrug-resistant and copper-tolerant Klebsiella pneumoniae* long after colistin withdrawal in poultry production. **Microbiology Spectrum**, v. 11, n. 4, p. 1-10, 2023. DOI: 10.1128/spectrum.01386-23.

PITOUT, J.D.; LAUPLAND, K.B. Extended-spectrum beta-lactamase-producing Enterobacteriaceae: an emerging public-health concern. **The Lancet Infectious Diseases**, v. 8, n. 3, p. 159-166, 2008. DOI: 10.1016/S1473-3099(08)70041-0.

PROJAHN, M.; VON TIPPELSKIRCH, P.; SEMMLER, T.; GUENTHER, S.; ALTER, T.; ROESLER, U. Contamination of chicken meat with extended-spectrum beta-lactamase

producing- *Klebsiella pneumoniae* and *Escherichia coli* during scalding and defeathering of broiler carcasses. **Food Microbiology**, v. 77, p. 185-191, 2019. DOI: 10.1016/j.fm.2018.09.010.

PUSPANADAN, S.; AFSAH-HEJRI, L.; LOO, Y.Y.; NILIAN, E.; KUAN, C.H.; GOH, S.G.; CHANG, W.S.; LYE, Y.L.; JOHN, Y.H.T.; RUKAYADI, Y.; YOSHITSUGU, N.; NISHIBUCHI, M.; SON, R. Detection of *Klebsiella pneumoniae* in raw vegetables using most probable number-polymerase chain reaction (MPN-PCR). **International Food Research Journal**, v. 19, n. 4, p. 1757, 2012. DOI: 10.12691/ijfnr-8-1-9

RAMOS, P.I.P.; PICÃO, R.C.; ALMEIDA, L.G.P.; LIMA, N.C.B.; GIRARDELLO, R.; VIVAN, A.C.P.; XAVIER, D.E.; BARCELLOS, F.G.; PELISSON, M.; VESPERO, E.C.; MÉDIGUE, C.; VASCONCELOS, A.T.R.; GALES, A.C.; NICOLÁS, M.F. Comparative analysis of the complete genome of KPC-2-producing *Klebsiella pneumoniae* Kp13 reveals remarkable genome plasticity and a wide repertoire of virulence and resistance mechanisms. **BMC Genomics**, v. 15, p. 1–16, 2014. DOI: 10.1128/AAC.02673-14.

ROCHA, D.A.C.; CAMPOS, J.C.; PASSADORE, L.F.; SAMPAIO, S.C.F.; NICODEMO, A.C.; SAMPAIO, J.L.M. Frequency of plasmid-mediated AmpC beta-Lactamases in *Escherichia coli* isolates from urine samples in Sao Paulo, Brazil. **Microbial Drug Resistance**, v. 22, n. 4, p. 321-327, 2016. DOI: 10.1089/mdr.2015.0190.

SAMPAIO, J.L.; GALES, A.C. Antimicrobial resistance in Enterobacteriaceae in Brazil: focus on beta-lactams and polymyxins. **Brazilian Journal Microbiology**, v. 41, Suppl. 1, p. 31-37, 2016.

SOUZA, P. M. S.; SILVA, J. M. S.; PEREIRA, R. T. G.; SANTOS, L. V. M. C.; SANTANA, L. G.; OLIVEIRA, M. M. P.; RIBEIRO, A. C. O. A.; MORAIS, M. M. C.; ALMEIDA, A. C. S. Epidemiologia molecular de *Klebsiella pneumoniae* multidroga resistente em hospitais terciários no estado de Pernambuco. **Brazilian Journal of Infectious Diseases**, v. 27, n. 1, p. 102812, 2023. DOI: 10.1016/j.bjid.2023.103363.

TAN, M.F.; LI, H.Q.; YANG, Q.; ZHANG, F.F.; TAN, J.; ZENG, Y.B.; WEI, Q.P.; HUANG, J.N.; WU, C.C.; LI, N.; KANG, Z.F. Prevalence and antimicrobial resistance profile of bacterial pathogens isolated from poultry in Jiangxi Province, China from 2020 to 2022. **Poultry Science**, v. 102, n. 8, 102830, 2023. DOI:10.1016/j.psj.2023.102830.

TANNI, F.Y.; CHOWDHURY, M.S.R.; HOSSAIN, H.; FAYSAL, M.A.; RAHMAN, M.A.; EMON, A.A.; ASHA, M.N.; HOSSAIN, M.M.; RAHMAN, M.M. Prevalence and antimicrobial resistance of extended spectrum beta-lactamase (ESBL) producing *Klebsiella* spp. in poultry meat. **Heliyon**, v. 11, n. 1, e41748, 2025. DOI: 10.1016/j.heliyon.2025.e41748.

TIGABIE, M.; ASSEFA, M.; GASHAW, Y.; AMARE, A.; AMBACHEW, A.; BISET, S.; MOGES, F. Prevalence and antibiotic resistance patterns of *Pseudomonas aeruginosa* and *Acinetobacter baumannii* strains isolated from chicken droppings on poultry farms in Gondar city, Northwest Ethiopia. **Science in One Health**, v. 4, 100099, 2025. DOI: 10.1016/j.sciho.2025.100099.

TSIOUTIS, C.; EICHEL, V.; MURMURA, N.T. Transmission of *Klebsiella pneumoniae* carbapenemase (KPC)-producing *Klebsiella pneumoniae*: the role of infection control. **Journal of Antimicrobial Chemotherapy**, v. 76, n. 1, p. 4-11, 2021. DOI: 10.1093/jac/dkaa492.

TSITSOS, A.; DAMIANOS, A.; TSIOURIS, V.; PAPAPANAGIOTOU, E.; SOULTOS, N.; PAPA, A.; TYRODIMOS, I.; ECONOMOU, V. Prevalence, seasonal variation, and proteomic relationship of β -lactamase-producing *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae* and *Acinetobacter* spp. in poultry meat at the abattoir level in Greece. **Food Microbiology**, v. 128, p. 104709, 2025. DOI: 10.1016/j.fm.2024.104709.

WANG, Q.; CHEN, R.; LIU, H.; LIU, Y.; LI, J.; WANG, Y.; JIN, Y.; BAI, Y.; SONG, Z.; LU, X.; WANG, C.; HAO, Y. Isolation and characterization of lytic bacteriophage vB_KpnP_23: A promising antimicrobial candidate against carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae*. **Virus Research**, v. 350, p. 199473, 2024. DOI 10.1016/j.virusres.2024.199473.

WOERTHER, P. L.; BURDET, C.; CHACHATY, E. Trends in human fecal carriage of extended-spectrum beta-lactamases in the community: toward the globalization of CTX-M. **Clinical Microbiology Reviews**, v. 26, n. 4, p. 744-758, 2013. DOI: 10.1128/CMR.00023-13

WYRES, K. L.; WICK, R. R.; GORRIE, C.; JENNEY, A.; FOLLADOR, R.; THOMSON, N. R.; HOLT, K. E. Identification of *Klebsiella* capsule synthesis loci from whole genome data. **Microbial Genomics**, v. 2, n. 12, p. 1–15, 2016. DOI: 10.1099/mgen.0.000102

ZHANG, Y. M.; TSAO, M. F.; CHANG, C. Y.; LIN, K. T.; KELLER, J. J.; LIN, H. C. Rapid identification of carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae* based on matrix-assisted laser desorption ionization time-of-flight mass spectrometry and an artificial neural network model. **Journal of Biomedical Science**, v. 30, n. 1, p. 25-35, 2023. DOI: 10.1186/s12929-023-00918-2

ZOGG, A. L.; ZURFLUH, K.; NUESCH-INDERBINEN, M.; STEPHAN, R. Characteristics of ESBL-producing Enterobacteriaceae and Methicillin Resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) isolated from Swiss and imported raw poultry meat collected at retail level. **Schweizer Archiv für Tierheilkunde**, v. 158, n. 6, p. 451-456, 2016. DOI: 10.17236/sat00071

ZOU, H.; ZHOU, Z.; BERGLUND, B.; ZHENG, B.; MENG, M.; ZHAO, L.; ZHANG, H.; WANG, Z.; WU, T.; LI, Q.; LI, X. Persistent transmission of carbapenem-resistant, hypervirulent *Klebsiella pneumoniae* between a hospital and urban aquatic environments. **Water Research**, v. 242, p. 120263, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.watres.2023.120263>.