

IDENTIFICAÇÃO DE BACTÉRIAS DO COMPLEXO ACB PRODUTORAS DE CARBAPENEMASES EM PROCESSOS INFECCIOSOS EM ANIMAIS DE COMPANHIA

Luana de Oliveira Silva*, Caio Nunes Christoffe Simões², Paulo Roberto Lima de Azevedo Junior², Mário Tatsuo Makita², Dayanne Araújo de Melo², Thérèse Camille Nascimento Holmström², Miliane Moreira Soares de Souza³

¹Discente no Curso de Medicina Veterinária – Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro - UFRRJ – Seropédica/RJ – Brasil – *Luana.oliveira2001@outlook.com

²Discente no Programa de Pós-Graduação em Ciências Veterinárias – Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro – UFRRJ – Seropédica/RJ – Brasil

³Docente do Curso de Medicina Veterinária – Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro - UFRRJ – Seropédica/RJ – Brasil

INTRODUÇÃO

O Complexo *Acinetobacter baumannii* - *Acinetobacter calcoaceticus* (Acb) engloba um conjunto de seis espécies de bactérias Gram-negativas pertencentes ao gênero *Acinetobacter*. Dentre elas, as espécies *A. baumannii*, *A. pittii*, *A. nosocomialis* e *A. calcoaceticus* destacam-se como as de maior relevância¹. Estas bactérias estão estreitamente ligadas às infecções relacionadas à assistência à Saúde (IRAS), devido à sua habilidade intrínseca para sobreviver em ambientes desafiadores, além de sua capacidade de adquirir e disseminar genes de resistência aos antimicrobianos, incluindo os carbapenêmicos, frequentemente considerados a última linha de tratamento em infecções hospitalares. A resistência aos carbapenêmicos é mediada por diversos mecanismos, incluindo a produção de carbapenemases, enzimas capazes de hidrolisar a estrutura desta classe de antimicrobianos. Muitas dessas carbapenemases são codificadas em plasmídeos, facilitando a transferência de genes de resistência entre bactérias de forma intra ou interespecífica². Por esses motivos, a Organização Mundial da Saúde (OMS) classifica *Acinetobacter baumannii* produtor de carbapenemase como uma bactéria de nível crítico, representando um desafio global para a saúde pública. O uso indiscriminado de antimicrobianos na medicina humana, veterinária e na produção animal tem sido uma das principais causas da disseminação da resistência antimicrobiana em um contexto de saúde única, sendo necessária uma monitoração da disseminação destas bactérias em diversos ambientes, incluindo o veterinário. Portanto, o presente estudo tem como objetivo a identificação fenotípica de Acb em amostras provenientes de infecções em animais de companhia, bem como a detecção de genes codificadores de carbapenemases (Genes *blaKPC*, *blaNDM* e *blaOXA-48*) nas amostras analisadas.

METODOLOGIA

Para conduzir este estudo, foram avaliadas 190 cepas de cocobacilos Gram-negativos não fermentadores provenientes de diversos processos infecciosos, tais como infecções urinárias, pústulas e lesões cutâneas em cães e gatos, com o intuito de investigar a presença de genes do complexo Acb. A identificação primária dessas cepas foi realizada por meio de métodos fenotípicos conforme preconizado por Koneman e colaboradores (2018), que abrangem análises presuntivas e bioquímicas (Fig. 1). Posteriormente, a confirmação fenotípica foi conduzida por meio de análise proteômica utilizando a técnica MALDI-TOF. A análise fenotípica de resistência antimicrobiana foi realizada através de antibiograma, enquanto a análise genotípica foi realizada por meio da técnica da Reação em Cadeia da Polimerase (PCR). Esta abordagem permitiu uma investigação abrangente e precisa da presença do complexo Acb, bem como seu perfil de resistência nas amostras estudadas.

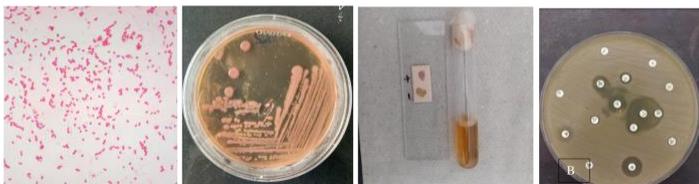


Figura 1: Métodos fenotípicos de identificação e análise de resistência antimicrobiana (Fonte: Acervo pessoal, 2023).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A partir da análise por métodos fenotípicos, das 190 cepas, 35 foram identificadas como pertencentes ao complexo Acb. Através das

confirmações proteômica e genotípica, foi possível identificar uma prevalência das espécies de *A. pittii* e *A. baumannii*. Considerando a resistência antimicrobiana, 54% (19/35) apresentaram padrão multidroga-resistente (MDR). Uma bactéria é classificada como MDR quando manifesta resistência à pelo menos três ou mais classes de antimicrobianos bacterianos³. Amostras advindas de processos infecciosos em trato urinário de cães apresentaram este padrão em maior prevalência. Em relação à presença dos genes codificadores de carbapenemases foi possível detectar todos os genes pesquisados, *blaKPC*, *blaOXA-48* e *blaNDM* nas cepas avaliadas, inclusive a detecção simultânea de mais de um gene codificador de carbapenemase na mesma cepa (Tabela1).

Tabela 1: Genes de resistência encontrados nas amostras avaliadas. (Fonte autoral)

Genes encontrados:	<i>blaNDM</i>	<i>blaNDM</i> e <i>blaOXA-48</i>	<i>blaKPC</i> e <i>blaOXA-48</i>	<i>blaNDM</i> e <i>blaKPC</i>	<i>blaKPC</i>
Nº de amostras:	5/35	4/35	2/35	2/35	1/35

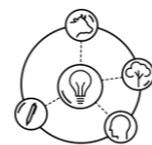
O gênero *Acinetobacter spp.* possui elevada versatilidade nutricional e metabólica, podendo adaptar-se facilmente a diferentes ambientes, sendo considerado um patógeno oportunista. Além disso, demonstram intrinsecamente resistência a um amplo espectro de antimicrobianos. Genes de multirresistência têm a capacidade de serem transferidos entre diferentes bactérias, amplificando a disseminação da resistência no ambiente, portanto, se espalham rapidamente dentro das espécies bacterianas e em grandes distâncias geográficas. Esse processo contribui de maneira significativa para a redução das opções terapêuticas disponíveis no tratamento de infecções causadas por esse gênero. À medida que essas bactérias se espalham no ambiente, sua disseminação contribui para o surgimento de resistência antimicrobiana em diversos cenários, em um contexto de Saúde Única.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Os resultados do presente estudo, juntamente com os de estudos recentes, levantam preocupações sobre a considerável prevalência da Resistência Antimicrobiana em cepas do complexo Acb associadas à infecções em animais e que pode ser potencialmente transmitida ao ambiente humano ou vice-versa. A caracterização das espécies pertencentes ao complexo Acb ainda é um desafio na Medicina Veterinária, sendo necessária muitas vezes a associação de técnicas para esta identificação. Alguns mecanismos, como a produção de carbapenemases desempenham um papel crucial no cenário da resistência aos antimicrobianos, representando uma ameaça significativa para a Saúde Única e a eficácia dos tratamentos antimicrobianos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- DALMASIO, S. M. R. Aspectos epidemiológicos da espécie *Acinetobacter baumannii* no controle de infecções relacionadas à assistência à saúde: uma revisão da literatura. 2018. p. 10-32. Departamento de microbiologia, instituto de Ciências Biológicas, UFMG. 2018.
- QUEIROZ, Y. M. DE. et al. Mecanismo de resistência da bactéria *Acinetobacter baumannii* e suas implicações no controle das infecções hospitalares. Revista Brasileira de Análises Clínicas, v. 54, n. 1, p. 37-43, 2022.
- MABONI, G. et al. Antimicrobial resistance patterns of *Acinetobacter spp.* of animal origin reveal high rate of



XIII Colóquio Técnico Científico de Saúde Única, Ciências Agrárias e Meio Ambiente

- multidrug resistance.** *Veterinary Microbiology*, v. 245, p. 108702, 2020.
4. KONEMAN E. W. et al. - **Color Atlas and Textbook of Diagnostic Microbiology**, 6ª ed, Philadelphia, JB Lippincot CO, 2018.
 5. VAN DER KOLK, J. H. et al. **Acinetobacter in veterinary medicine, with an emphasis on Acinetobacter baumannii.** *Journal of global antimicrobial resistance*, v. 16, p. 59-71, 2019.
 6. WEINBERG, S. E. et al. **Control and management of multidrug resistant Acinetobacter baumannii: A review of the evidence and proposal of novel approaches.** *Infection prevention in practice*, v. 2, n. 3, p. 100077, 2020.
 7. HOLMSTRÖM, T. C. N. **Desafios na caracterização e na análise da resistência antimicrobiana de espécies bacterianas oriundas de diferentes ambientes animais com uma abordagem em Saúde Única.** Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica, 110 f.: il, 2022.
 8. REPIK, C. F. et al. **A resistência antimicrobiana na produção animal: Alerta no contexto da saúde única.** *Pubvet*, v. 16, n. 4, p. 1-6, abr. 2022.

APOIO:

