

CUNHA; CAROLINE RIBEIRO DA ¹, SINCERO; THÁIS CRISTINE MARQUES ²

RESUMO

O desenvolvimento de resistência bacteriana aos antimicrobianos é um fenômeno natural, entretanto, o maior consumo de antimicrobianos tem sido apontado como o principal responsável pelos altos níveis de resistência atuais. Dito isso, a resistência microbiana se apresenta de forma progressiva na sociedade, através da transferência de genes de resistência entre distintos microrganismos, destacando-se quando relacionado a diferentes ambientes, principalmente no meio hospitalar e em seus usuários, onde apresenta uma situação de ameaça ao conjunto terapêutico para o tratamento de diversas infecções. Portanto, o objetivo do trabalho é compreender a disseminação de genes de resistência bacteriana entre o ambiente humano e animal, baseando-se no conceito *one health*. Diante disso, foram obtidos isolados bacterianos (apenas Gram negativos) de transportes de pacientes, amostras fecais, nasais e de leitos de pacientes e de amostras de granjas de suínos e aves. Realizou-se a amplificação dos genes de resistência: TEM e SHV, a partir da Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) para cada isolado obtido. E por fim, foi realizado o Teste de Sensibilidade aos Antimicrobianos (TSA), com o intuito de determinar o perfil de sensibilidade aos antimicrobianos de cada isolado bacteriano, apenas para as colônias caracterizadas como fermentadoras da glicose. Dessa forma, foram obtidos 258 isolados bacterianos totais, dos quais 176 são colônias Gram negativas, os quais foram utilizados no estudo. Do total de 176 isolados utilizados no estudo, 87 (50%) são isolados bacterianos totais das amostras de granjas, dos quais 20 (23%) isolados são de amostras de granjas de suínos, 12 (14%) isolados são de amostras de granjas de aves e 55 (63%) isolados são de amostras de granjas de orgânicos. Observou-se que 58% e 4% dos isolados de amostras de pacientes foi detectado os genes de resistência TEM e SHV, respectivamente. Nas amostras de granjas de suínos e aves 60% e 41% das amostras apresentaram o gene TEM, respectivamente e, para o gene SHV não foram identificadas amostras positivas. Já nas amostras de granjas de orgânicos 53% e 2% das amostras apresentaram os genes TEM e SHV, respectivamente. E por fim, nas amostras de transportes 27% das amostras apresentaram o gene TEM e, para o gene SHV não foram identificadas amostras positivas. Em relação ao perfil de sensibilidade aos antimicrobianos, 50% dos isolados de granjas apresentaram resistência à classes dos agentes diversos (classificação BrCAST), 28% das amostras de pacientes para a classe das cefalosporinas e 18% das amostras de transportes para a classe das penicilinas. A partir do TSA foi possível realizar a identificação de 36 colônias produtoras de ESL, através do teste de disco aproximação. Portanto, o trabalho destaca a presença de bactérias Gram negativas nos diversos locais de coleta e as quais apresentaram resistência à antimicrobianos de classes terapêuticas relevantes e, sendo 36 dessas positivas para ESBL. Assim, ressaltando a importância de compreender a disseminação dessas bactérias dentro da sociedade. Com o objetivo, de controlar o consumo de antimicrobianos tanto no ambiente humano quanto animal e assim, proporcionar a redução dos mecanismos de resistência a esses fármacos, possibilitando tratamentos terapêuticos eficazes.

PALAVRAS-CHAVE: ESBL, Isolados bacterianos, One Health, Resistência bacteriana

¹ Departamento de Análises Clínicas - Universidade Federal de Santa Catarina, carolrdacunha@gmail.com

² Departamento de Análises Clínicas - Universidade Federal de Santa Catarina, thais.sincero@ufsc.br

