

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
FACULDADE DE MEDICINA VETERINÁRIA E ZOOTECNIA

ÁDRIA SILVA DE SALLES

**VIGILÂNCIA ATIVA DE MICRORGANISMOS MULTIRRESISTENTES
PROVENIENTES DE AMBIENTE E AMOSTRAS CLÍNICAS VETERINÁRIAS**

Uberlândia
2026

ÁDRIA SILVA DE SALLES

**VIGILÂNCIA ATIVA DE MICRORGANISMOS MULTIRRESISTENTES
PROVENIENTES DE AMBIENTE E AMOSTRAS CLÍNICAS VETERINÁRIAS**

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado à
Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia
da Universidade Federal de Uberlândia como
requisito parcial para obtenção do título de
Bacharel em Medicina Veterinária.

Área de concentração: Microbiologia
Veterinária

Orientador(a): Roberta Torres de Melo

Coorientador(a): Carolyne Ferreira Dumont

Uberlândia

2026

ÁDRIA SILVA DE SALLES

**VIGILÂNCIA ATIVA DE MICRORGANISMOS MULTIRRESISTENTES
PROVENIENTES DE AMBIENTE E AMOSTRAS CLÍNICAS VETERINÁRIAS**

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado à
Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da
Universidade Federal de Uberlândia como
requisito parcial para obtenção do título de
Bacharel em Medicina Veterinária.

Área de concentração: Microbiologia Veterinária

Uberlândia, 19 de março de 2026

Banca examinadora:

Roberta Torres de Melo – Dra. e Profa. (FMVZ-UFU)

Belchiolina Beatriz Fonseca – Dra. e Profa (FMVZ-UFU)

Letícia Roberta Martins Costa - Ma. e Da. (FMVZ-UFU)

AGRADECIMENTOS

Primeiramente, agradeço a Deus, por me permitir viver um dos sonhos que por tantas vezes entreguei em oração: tornar-me Médica Veterinária. Foram noites e noites de conversa ao longo da graduação, e não foi diferente durante a construção deste trabalho. Sua presença foi meu sustento em todos os momentos.

Agradeço, de forma muito especial, à minha mãe, Sirlei, por tornar esse sonho palpável. Obrigada pelas palavras de conforto, pelo apoio incondicional e pelo ombro amigo diante de tantos desabafos — especialmente nestes últimos meses, em que a palavra “TCC” dominava praticamente todas as nossas conversas. À minha família, minha gratidão por compreender meus momentos de ausência e dedicação intensa.

À minha namorada, Adélia, obrigada pela paciência diante das infinitas reclamações de cansaço — que, no fim, valeram a pena. Você foi essencial nesse processo.

Aos meus amigos — que, graças a Deus, são muitos — obrigada pelo apoio, mesmo que à distância, por acreditarem no meu potencial e até pelos memes enviados, que trouxeram leveza e conforto durante essa fase.

Às minhas duas cachorrinhas, Savana e Luna, que foram muito mais importantes do que muitos imaginam. Vocês são, sem dúvida, parte da razão que me mantém firme. Obrigada por estarem ao meu lado em cada dia longo de escrita deste trabalho, sempre deitadinhas perto de mim. Amo vocês.

Por fim, mas não menos importante, agradeço à minha orientadora, Roberta Torres, por abraçar a ideia e tornar possível a realização deste tema; à Gabriela Loures, por me orientar nos primeiros passos e, especialmente, por ter me apresentado a ideia que deu origem a este trabalho, no TCC I; à minha coorientadora, Carolyne Ferreira, por me guiar na etapa final, o TCC II.

Ao Laboratório de Biotecnologia Animal Aplicada (LABIO), especialmente a Deborah e Dayanne, por toda a trajetória compartilhada e pela construção de uma amizade marcada por muitas risadas e companheirismo. À Larissa, pelo auxílio em toda a parte técnica, pelas explicações sempre tão solícitas e por me incentivar a manter o pensamento positivo de que tudo daria certo. Ao Laboratório de Doenças Infectocontagiosas (LADOC), pela disponibilização dos dados para análise e pelo suporte na construção escrita deste trabalho.

Meu eterno obrigada a todos que fizeram parte dessa trajetória. Foi um processo desafiador, mas concluído com êxito — e, acima de tudo, com muito aprendizado.

RESUMO

A resistência antimicrobiana representa um dos principais desafios atuais na medicina veterinária, devido ao seu impacto direto no bem-estar animal e na saúde pública. Diante disso, esse trabalho tem como objetivo avaliar a prevalência e a variação temporal da resistência antimicrobiana de bactérias isoladas no Hospital Veterinário da Universidade Federal de Uberlândia (UFU) no período de junho de 2024 a junho de 2025. Foram analisadas amostras clínicas provenientes de pacientes atendidos no hospital, incluindo cães (n=90) e gatos (n=13). As amostras clínicas consistiram em urina (n=64), swab de orelha (n=12), swab de ferida (n=23) e swab nasal (n=4). Adicionalmente, foram coletadas amostras do ambiente hospitalar, incluindo mãos de profissionais (n=13) e superfícies (n=21). No centro cirúrgico, as amostras das mãos dos profissionais foram coletadas antes e após a antissepsia; nos demais setores, as coletas das mãos foram realizadas sem antissepsia prévia, enquanto as amostras de superfícies foram obtidas de forma padronizada em todos os setores. Dentre os isolados provenientes de amostras clínicas, foram identificados 42 com perfil resistente e 60 multirresistentes. Nas amostras ambientais, observaram-se 15 isolados com perfil resistente e 10 multirresistentes. Quanto aos perfis de resistência bacteriana, foram identificados diferentes padrões, com destaque para aqueles associados à resistência a β -lactâmicos, aminoglicosídeos e fluoroquinolonas. Esses resultados reforçam a relevância da vigilância da resistência antimicrobiana no ambiente hospitalar e na conduta clínica.

Palavras-chave: Resistência Antimicrobiana (RAM); saúde única; ambiente hospitalar veterinário.

ABSTRACT

Antimicrobial resistance represents one of the main current challenges in veterinary medicine, due to its direct impact on animal welfare and public health. Therefore, this study aims to evaluate the prevalence and temporal variation of antimicrobial resistance in bacteria isolated at the Veterinary Hospital of the Federal University of Uberlândia (UFU) from June 2024 to June 2025. Clinical samples from patients treated at the hospital were analyzed, including dogs (n=90) and cats (n=13). The clinical samples consisted of urine (n=64), ear swabs (n=12), wound swabs (n=23), and nasal swabs (n=4). Additionally, samples were collected from the hospital environment, including staff hands (n=13) and surfaces (n=21). In the surgical center, samples from staff hands were collected before and after antisepsis; In other sectors, hand samples were collected without prior antisepsis, while surface samples were obtained in a standardized manner across all sectors. Among the isolates from clinical samples, 42 with a resistant profile and 60 multidrug-resistant isolates were identified. In environmental samples, 15 isolates with a resistant profile and 10 multidrug-resistant isolates were observed. Regarding bacterial resistance profiles, different patterns were identified, with emphasis on those associated with resistance to β -lactams, aminoglycosides, and fluoroquinolones. These results reinforce the relevance of antimicrobial resistance surveillance in the hospital environment and in clinical practice.

Keywords: Antimicrobial Resistance (AMR); One Health; Veterinary hospital environment.

SUMÁRIO

1. Sumário

1.INTRODUÇÃO.....	8
2.REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	10
2.1 Resistência Antimicrobiana na Medicina Veterinária.....	10
2.2 Classes microbianas de maior ocorrência na Medicina Veterinária	11
2.3 Grupo ESKAPE e Doenças de Relevância na Medicina Veterinária.....	12
2.4 Fatores e mecanismos de Resistência Antimicrobiana	13
2.5 Prevalência da Resistência Antimicrobiana em Unidades de Saúde Veterinária	14
3.METODOLOGIA	16
3.1 Desenho do estudo.....	16
3.2 Coleta de dados de isolados bacterianos de casos clínicos no Hospital Veterinário	16
3.3 Coleta de dados referentes a isolados bacterianos ambientais em unidade de saúde veterinária.....	17
3.4 Estatística.....	18
4.RESULTADOS	19
4.1 Distribuição das espécies bacterianas isoladas.....	19
4.2 Distribuição temporal dos isolados resistentes e multirresistentes.....	23
4.3 Distribuição temporal agrupada dos isolados resistentes e multirresistentes	26
5.DISSCUSSÃO.....	27
6.CONCLUSÃO.....	30
REFERÊNCIAS.....	31

1. INTRODUÇÃO

De acordo com a World Health Organization (2024), a resistência antimicrobiana (RAM) constitui uma ameaça crescente à saúde pública global e compromete a eficácia dos tratamentos disponíveis para infecções bacterianas. A RAM é definida como a capacidade de microrganismos sobreviverem ou proliferarem na presença de agentes antimicrobianos que previamente eram eficazes contra eles. Esse fenômeno pode ocorrer em decorrência de mutações genéticas e transferência horizontal de genes adquiridos após a exposição aos antimicrobianos. Apesar de ser um processo natural, é favorecido pela pressão seletiva resultante do uso intensivo ou inadequado de antimicrobianos (Maillard, 2018).

A transferência horizontal de genes permite a disseminação rápida de genes de resistência intra- e interespecífica e envolve principalmente três vias clássicas: conjugação, transformação e transdução (Liu; Prentice; Webber, 2024). Esse fenômeno vem ocorrendo de forma crescente, tanto na medicina veterinária quanto na humana (Arias; Carrilho, 2012). Além dessas vias clássicas, estudos identificam mecanismos adicionais de disseminação gênica, como a transferência via vesículas de membrana (*outer membrane vesicles*) e agentes de transferência gênica semelhantes a fagos (*gene transfer agents*), que também contribuem para a mobilização de genes de resistência no ambiente bacteriano (Michaelis; Grohmann, 2023). Esses processos são acelerados em ambientes de alta densidade bacteriana, agravados pela formação de biofilmes, onde a proximidade celular e a troca contínua de material genético potencializam a disseminação de genes de resistência e dificultam ainda mais o controle da RAM (Liu; Thomsen; Olsen, 2022; Liu; Prentice; Webber, 2024).

No âmbito da medicina veterinária o uso de antimicrobianos em animais de produção, companhia e na aquicultura contribui para a seleção e disseminação destes perfis. O uso descontrolado desses fármacos é frequentemente associado à administração sem prescrição prévia do médico-veterinário ou à ausência de antibiograma para definição do perfil de suscetibilidade bacteriana, o que favorece terapias empíricas inadequadas e amplia a pressão seletiva sobre as populações microbianas (Gottardo *et al.*, 2021; Souza *et al.*, 2020).

No ambiente hospitalar animais internados ou atendidos podem ser portadores de microrganismos resistentes, os quais podem estar presentes tanto nas amostras clínicas quanto promover a contaminação cruzada de superfícies e equipamentos, além de serem carregados pelo fluxo de profissionais e tutores (Scarpellini *et al.*, 2024). Análises de isolados clínicos provenientes de infecções comuns, como infecções do trato urinário, em animais de companhia atendidos em hospitais veterinários europeus demonstraram taxas relevantes de resistência múltipla a

antimicrobianos. Entre os microrganismos identificados, observou-se maior frequência de *Escherichia coli* multirresistente em cães e gatos, além de comprovada associação entre o histórico de tratamentos prévios com antimicrobianos e a maior prevalência de perfis de multirresistência (Scarpellini *et al.*, 2025).

A ausência de medidas eficazes de controle transforma o ambiente hospitalar em potencial veículo de disseminação bacteriana. Nesse sentido, a Agência Nacional de Vigilância Sanitária (ANVISA) estabelece protocolos rigorosos de limpeza e desinfecção com o objetivo de prevenir a persistência e a transmissão de patógenos em serviços de saúde. Ainda assim, estudos apontam riscos associados à presença de agentes multirresistentes em hospitais veterinários, frequentemente relacionados a falhas nos processos de desinfecção (Dumont *et al.*, 2024).

O combate à resistência antimicrobiana apresenta caráter multifatorial e exige regulamentação, padronização de condutas terapêuticas e fortalecimento de programas de controle de infecção para seu enfrentamento. Sob a perspectiva da Saúde Única, o médico-veterinário desempenha papel central ao atuar na interface entre tutores, animais de companhia e ambiente hospitalar, todos potenciais reservatórios e veículos de microrganismos resistentes (Repik *et al.*, 2022). Essa inter-relação reforça a necessidade de pesquisas voltadas ao monitoramento de bactérias multirresistentes e à análise da interação entre esses três componentes (CFMV, 2023).

Apesar da relevância do tema, ainda são limitados os estudos que investigam de forma integrada os perfis bacterianos de animais de companhia e do ambiente hospitalar veterinário. Compreender os aspectos clínicos e ambientais envolvidos na propagação da resistência antimicrobiana possibilita a implementação de medidas preventivas e corretivas mais eficazes. Assim, este estudo teve como objetivo verificar os perfis de multirresistência bacteriana entre isolados ambientais e amostras biológicas de animais de companhia atendidos no Hospital Veterinário da Universidade Federal de Uberlândia (HV-UFU), ao longo de 12 meses. Além disso, pretendeu-se definir espécies bacterianas isoladas de materiais clínicos e ambientais.

2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 Resistência Antimicrobiana na Medicina Veterinária

A resistência antimicrobiana é reconhecida como uma das principais ameaças à saúde global, pois compromete a eficácia dos tratamentos, prolonga o tempo de recuperação dos pacientes e eleva os custos terapêuticos, gerando impactos econômicos (McEwen; Collignon, 2018). Essa problemática transcende diferentes áreas do conhecimento e setores da sociedade, sendo abordada sob a perspectiva da Saúde Única, conceito que integra a saúde humana, animal e ambiental, o que torna o assunto multissetorial e de importância mundial (McEwen; Collignon, 2018).

Na veterinária o cenário não é diferente, o uso excessivo de antibióticos em animais de companhia é a principal causa do desenvolvimento de RAM, estendendo também a interação entre humano-animal (Palma; Tilocca; Roncada, 2020). Por esse motivo, o Ministério da Agricultura desenvolveu um guia de uso racional de antimicrobianos que tem como objetivo diminuir o uso indiscriminado e padronizar prescrições e protocolos médicos (Rabelo, 2022). Contudo, o uso indiscriminado não é a única fonte do surgimento da RAM, estudos apontam que o ambiente hospitalar pode servir de reservatório e disseminador para esses patógenos resistentes, tornando-se uma grande ameaça para médicos-veterinários (Menezes *et al.*, 2022).

De acordo com Menezes *et al.* (2022) essa ameaça pode estar associada tanto à baixa manutenção higiênica, quanto ao uso indevido dos produtos de limpeza. Diante deste cenário, deve-se atentar sobre a capacitação técnica de funcionários, com disseminação de conhecimento e treinamento constante acerca da utilização de produtos e do ciclo reprodutivo dos patógenos, para adequada prevenção e/ou eliminação do patógeno (Kubdeet *et al.*, 2023). A utilização de produtos eficazes também é um tópico essencial quando se trata da eliminação ou esterilização, pois este deve ser capaz de destruir os microrganismos resistentes de superfícies, como o estudo clínico laboratorial que analisou o peróxido de hidrogênio que foi ativo e eficaz contra as principais cepas encontradas na clínica hospitalar, que são *Pseudomonas aeruginosa*, *Klebsiella pneumoniae*, *Enterococcus faecalis* e *Staphylococcus aureus* (Montagna *et al.*, 2019).

Estudos com o foco em ambientes veterinários demonstram outros tipos de fontes, como a superfície de luvas que são usadas em procedimentos clínicos e cirúrgicos, que podem ser disseminadores significativos (Walker *et al.*, 2014). Mãos de cirurgiões, superfícies dos blocos operatórios, contribuem nessa estatística de disseminação desses microrganismos multirresistentes (Paula; Magalhães; Pereira, 2017). Nesse contexto, a ANVISA desenvolveu um Programa Nacional de Prevenção e Controle de Infecções Relacionadas à Assistência à Saúde, com o intuito de reduzir a incidência de Infecções Relacionadas à Assistência à Saúde (IRAS). E assim definiram metas e estratégias para prevenção e controle das IRAS e Resistência Microbiana (RM) para o período de 2021 à 2025. As boas práticas são de ação simples e eficazes para o começo dessa mudança como higiene das mãos e Equipamentos de Proteção Individual (EPI) (PNPCIRAS, 2021; Boyce, 2024). O que salienta a relevância sobre um manejo integrado que envolve o controle ambiental, prevenção de transmissão cruzada e adoção de práticas seguras.

2.2 Classes microbianas de maior ocorrência na Medicina Veterinária

Em um estudo foi observado o uso predominante de penicilinas, cefalosporinas, nitroimidazol e macrolídeos em animais de companhia, e por extensão ao tema, em humanos igualmente são as classes mais comumente usadas. Na realidade veterinária, muita das vezes é receitado um antibiótico de amplo espectro para tutores de baixa renda que visa solucionar a problemática com um único medicamento (Rached *et al.*, 2025).

Outro estudo realizado em cães com doenças respiratórias, constou que os antimicrobianos mais prescritos foram doxiciclina, amoxicilina e enrofloxacino, correspondendo às classes tetraciclina, β -lactâmicos e fluoroquinolonas, respectivamente (Silva, 2023).

Segundo Chicuti; Paier; Senhorello (2022), em uma avaliação do uso de antimicrobianos em 88 cães e 24 gatos hospitalizados, observou-se um destaque em 84%(74/88) dos cães que utilizaram antibióticos, com relevância para o uso de metronidazol (28,2%), ceftriaxona (25,3%) e enrofloxacina (15,9%), já nos felinos, 83%(20/24) deles fizeram uso de antibióticos e houve destaque de amoxicilina e clavulanato de potássio (39%), metronidazol (36%) e doxiciclina (14%).

Diante dessa base de dados, é de suma importância compreender o mecanismo de ação desses antibióticos mais utilizados. Segundo Vimieiro; Leal De Oliveira (2021) os β -lactâmicos atuam inibindo a síntese da parede celular e seu espectro de ação é amplo, agindo contra gram-positivas e negativas. Os aminoglicosídeos, tetraciclinas e macrolídeos atuam inibindo a síntese proteica, a doxiciclina é em gram-negativa aeróbia. Já as fluoroquinolonas e nitroimidazólicos, alteram a síntese de DNA, sendo específicos para *Escherichia coli*, *Salmonella* spp., *Shigella* spp., *Enterobacter* spp., infecções do trato urinário e bactérias anaeróbias estritas.

2.3 Grupo ESKAPE e Doenças de Relevância na Medicina Veterinária

Os patógenos do grupo ESKAPE (*Enterococcus faecium*, *Staphylococcus aureus*, *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii*, *Pseudomonas aeruginosa* e *Enterobacter* spp.), fazem parte de um conjunto de bactérias que possuem capacidade elevada de adquirir resistência antimicrobiana e estão frequentemente presentes no ambiente hospitalar (Muntean *et al.*, 2022). O grupo ESKAPE demonstra grande relevância para a saúde pública, tanto em hospitais humanos quanto em hospitais veterinários, uma vez que, em diversos cenários, apresenta alto nível de multirresistência, capazes de comprometer a eficácia dos antibióticos mais utilizados e reduzir a efetividade dos tratamentos (Sebola *et al.*, 2024).

Diversas bactérias de importância clínica estão associadas a infecções frequentes na medicina veterinária, especialmente no ambiente hospitalar. *Staphylococcus aureus* está relacionada principalmente à doenças dermatológicas devido à sua elevada capacidade de adesão às células de mamíferos, incluindo queratinócitos, enquanto a *Acinetobacter* spp. é mais comum em áreas interfringosas úmidas, que favorecem seu crescimento (Chiller; Selkin; Murakawa, 2001). Além dos patógenos do grupo ESKAPE, um estudo com uroculturas de cães e gatos demonstrou maior prevalência, especialmente em cães, de *Escherichia* spp. (27,50% - 25/91) e *Proteus* spp. (17,70% - 16/91), microrganismos que, embora não integrem o grupo ESKAPE, apresentam grande relevância no ambiente hospitalar veterinário (Lima *et al.*, 2024).

Outros microrganismos não pertencentes ao grupo ESKAPE, também possuem relevância clínica, como *Enterococcus* spp., componente da microbiota comensal do trato gastrointestinal (TGI), que pode atuar como patógeno oportunista em situações de desequilíbrio imunológico, colonizando diferentes sistemas. Em cães, estudos apontam que *Enterococcus* spp. é o quarto ou quinto isolado mais comum de bacteriúria (Wood *et al.*, 2020). Adicionalmente, um estudo realizado na Nova Zelândia, entre 2005 e 2012, identificou

entre 3.135 isolados bacterianos, a predominância de *Escherichia coli* (35,2%), *Staphylococcus* spp. (14,1%), *Proteus mirabilis* (11,4%) e *Enterococcus* spp. (8,8) evidenciando uma problemática global e recidivante na medicina veterinária (McMeekin *et al.*, 2017).

De forma semelhante (Pagnossin *et al.*, 2022), descreveram as associações e principais locais de isolamento de *Streptococcus* spp. em cães e gatos, destacando a cavidade nasal e oral, canal auditivo externo, reto e mucosas genitais. Entretanto, quando não bem tratadas podem agravar em síndromes clínicas graves.

Nesse contexto, destaca-se ainda um estudo em Botucatu-SP, em que apresentou distúrbios infecciosos causados por *Klebsiella* spp., demonstrou que em cães 14% dos isolados foi pertencente à infecções respiratória, 51,9% do trato urinário e 3,3% de distúrbios reprodutivos, já em gatos, o destaque foi no trato urinário, apresentando 63% (Ribeiro *et al.*, 2022). Outro microrganismo gram negativo, do grupo ESKAPE, é a *Pseudomonas aeruginosa*, que tem grande característica de persistir em superfícies úmidas e formação de biofilme, e a sua manifestação clínica é em feridas, otite e infecções de sítio cirúrgico (Nadăș *et al.*, 2025). A elevada frequência de todos esses microrganismos, aliado à sua capacidade de persistência nos ambientes hospitalares reforça a importância da adoção da maior higienização e medidas eficazes de controle, visando a redução da disseminação e ao manejo adequado.

2.4 Fatores e mecanismos de Resistência Antimicrobiana

A resistência antimicrobiana pode ser de forma intrínseca, quando é natural da bactéria, ou adquirida, por meio de elementos genéticos móveis que favorecem a disseminação de seus genes (Hasan; Dutta; Nguyen, 2021). Dentre os diversos mecanismos, destacam-se três principais: degradação enzimática, alteração de proteínas bacterianas e mudanças na permeabilidade da membrana aos antibióticos (Rodrigues; Ferreira; Conceição Neto, 2025).

A inativação enzimática foi um dos primeiros mecanismos descritos na literatura, associado à resistência intrínseca. As enzimas bacterianas, como as β - lactamases produzidas por Gram-negativas, são capazes de hidrolisar antibióticos, tornando-os inativos. Além disso, algumas enzimas podem modificar a estrutura química, de forma que altere a função dos antibióticos (Nogueira *et al.*, 2016).

A alteração das proteínas também é considerada um mecanismo de resistência prevalente. Através de modificações estruturais no sítio-alvo, ocorre a redução de afinidade de ligação aos antibióticos, o que reduz sua eficácia (Elshobary *et al.*, 2025).

Outro mecanismo relevante é a redução da permeabilidade da membrana bacteriana, o que limita a concentração e absorção de antibióticos intracelular, e assim permite o desenvolvimento da resistência (Elshobary *et al.*, 2025).

A transferência horizontal de genes (THG) também é um mecanismo importante na disseminação da resistência bacteriana, ocorrendo por três vias principais: transformação, conjugação e transdução. Na transformação, há captação de DNA livre do ambiente; na conjugação, ocorre transferência direta de material genético entre bactérias; e, na transdução, bacteriófagos atuam como vetores na transferência gênica (Burmeister, 2015). Para que ocorra, a bactéria pode entrar em um estado fisiológico transitório que permita essa troca genética. Esse processo contribui para a diversidade genética e para a rápida adaptação bacteriana frente a pressões seletivas (Vesel *et al.*, 2025).

No grupo ESKAPE observa-se vários tipos de mecanismos. A inibição enzimática de antibióticos pode ocorrer em cepas específicas de qualquer um desses patógenos. Já a redução de permeabilidade da membrana é comum em bactérias Gram-negativas, frequentemente associada à perda de proteínas porinas, como ocorre com a *Pseudomonas aeruginosa*, impedindo o antibiótico de entrar na célula (Kelly; Nolan; Zeden, 2024).

Staphylococcus aureus, bactéria Gram-positiva pertencente ao grupo ESKAPE, pode apresentar redução da sensibilidade à vancomicina por meio do espessamento da parede celular, o que dificulta o acesso do antibiótico ao seu sítio de ação e compromete a inibição da síntese da parede. Além disso, *S. aureus* e *Enterococcus faecium* podem promover alterações na carga da superfície celular, reduzindo a interação com determinados antibióticos (Rajput; Nahar; Rahman, 2024).

2.5 Prevalência da Resistência Antimicrobiana em Unidades de Saúde Veterinária

No Brasil, estudos têm evidenciado a presença de agentes resistentes em ambientes veterinários, como no caso de um hospital veterinário em Santa Catarina, que atende em maior proporção cães e gatos, onde a proximidade animal - humano favorece a transmissão desses microrganismos multirresistentes (Sfaciote *et al.*, 2021). Nesse mesmo estudo, Sfaciote *et al.* (2021), coletou 94 pools de 39 ambientes distintos, e identificou a ocorrência de *Staphylococcus aureus* resistentes à meticilina (MRSA) de forma prevalente 81,91% (77/94) na maior parte dos ambientes hospitalares analisados. As β -lactamases de espectro estendido (ESBL) também seguem o padrão de estar na maior parte dos ambientes 62,77% (59/94). As

menos presentes foram *Enterococcus* resistente à vancomicina (VRE) 24,47% (23/94) e carbapenemase (CP) 12,77% (12/94), mas ainda encontradas em algumas áreas, o que torna fator preocupante.

De forma semelhante Giordani *et al.* (2022) no sul do Brasil, ao investigar 38 amostras de lesões cutâneas relataram a presença 18,4% (07/38) de *Enterococcus faecium* e *Staphylococcus intermedius* e 17,7% (06/34) *Pseudomonas aeruginosa*, *Escherichia coli* e *Proteus mirabilis*, todas com perfil resistente.

Já na região do Nordeste do Brasil, em um relato de caso que apresentou uma multirresistência para *Klebsiella pneumoniae*. O estudo revela complexidades nos mecanismos de resistência com a presença de moléculas de DNA que carregam múltiplos genes que conferem resistência à diversas classes de antimicrobianos (Silva *et al.*, 2022).

Na região Sudeste um estudo com uma amostragem de 130 swabs retais em cães, detectou a prevalência de *Escherichia Coli* ESC-R (Extended-Spectrum Cephalosporin-Resistant) em um hospital veterinário de ensino. A prevalência de transporte fecal de *E. Coli* ESC-R foi de 9,2% e todos os isolados foram resistentes à ceftriaxona, cefpodoxima e suscetíveis a cefoxitina e carbapenêmicos (Salgado-Caxito *et al.*, 2021).

Na região Norte do Brasil, em Manaus - AM, 23 amostras de hemoculturas e antibiogramas foram analisadas, e o resultado foi um perfil de resistência predominante nas bactérias Gram-negativas, como a *Acinetobacter baumannii* (58,72%), *Proteus mirabilis* (42,06%), *Klebsiella* spp. (40,47%) e *Pseudomonas* spp. (25%) (Filho *et al.*, 2024).

Diante desses dados, estudos também apontam que a RAM principalmente em cães e gatos está emergindo como um participante na disseminação global, patógenos como *E. coli* produtora de ESBL e *Staphylococcus aureus* resistente à metilicina (MRSA) tem grande destaque nos ambientes veterinários e entre animais de companhia (Medeiros *et al.*, 2025).

Na realidade humana não é diferente, estudo prevê que terá um aumento de mortes relacionadas à RAM de 69,6% de 2022 a 2050, e 92 milhões de mortes de todas as faixas etárias poderiam ser evitadas entre 2025 e 2050 (GBD 2021 ARC, 2024). O que ressalta a importância do desenvolvimento e práticas que visam cessar ou ao menos diminuir essa estimativa na saúde única.

3. METODOLOGIA

3.1 Desenho do estudo

Foi realizado um estudo ecológico no período de junho de 2024 a junho de 2025 referente a amostras clínicas de cães e gatos atendidos no HOVET-UFU. Os animais atendidos são provenientes do município de Uberlândia-MG e corresponderam a um total de 71 amostras, com 103 isolados obtidos.

As amostras clínicas e ambientais foram previamente coletadas pela equipe responsável, não sendo realizadas pela autora. As coletas seguiram os procedimentos padronizados pelos laboratórios responsáveis, e os dados utilizados neste estudo foram obtidos a partir dos registros do LADOC e LEPIMOL. Para as amostras ambientais, consideramos o mesmo período, sendo utilizadas amostras ambientais, de superfície e de mãos de funcionários do HOVET, correspondendo a um total de 19 amostras, com 34 isolados obtidos.

Os dados foram agrupados conforme a origem e o tipo de amostra, a espécie isolada, o período de isolamento e a resistência antimicrobiana fenotípica, considerando resistentes os isolados com resistência a uma ou duas classes de antimicrobianos e multirresistentes aqueles com resistência a três ou mais classes. (Magiorakos *et al.*, 2012).

Para a coleta de dados, utilizamos as informações individuais obtidas pelos registros obtidos no LADOC e LEPIMOL, referente às amostras clínicas e ambientais, respectivamente.

A análise temporal foi realizada para verificação de momentos em que foram identificadas espécies consideradas prioritárias associada a caracterização de um perfil de MR.

3.2 Coleta de dados de isolados bacterianos de casos clínicos no Hospital Veterinário

Trata-se de um estudo realizado a partir de registros laboratoriais do LADOC e LEPIMOL. Foram extraídas informações referentes à origem e ao tipo de amostra, espécie animal, data de isolamento, microrganismo identificado e perfil de resistência antimicrobiana. As amostras clínicas foram obtidas de cães e gatos atendidos no Hospital Veterinário da Universidade Federal de Uberlândia (HV-UFU). Alguns requisitos foram considerados como parâmetros de inclusão para o estudo, como o animal estar sem o uso de antibióticos por no mínimo 7 dias e a coleta das amostras ser realizada pelo médico-veterinário responsável.

As amostras de urina foram obtidas por meio de urocultura, utilizando técnica de cistocentese ou sondagem uretral (Hedström *et al.*, 2021). Após a coleta, as amostras foram acondicionadas sob refrigeração entre 4 °C e 8 °C e transportadas ao laboratório em um período

máximo de quatro horas. Para a coleta de amostras auriculares, utilizou-se técnica asséptica, iniciando-se pela limpeza do conduto auditivo com gaze estéril e água para injeção. Em seguida, um swab estéril foi introduzido no canal auditivo, evitando contato com as regiões externas da orelha, realizando-se movimentos rotatórios até a porção mais profunda do canal para a obtenção da amostra. O material coletado foi imediatamente acondicionado em meio de transporte Stuart e encaminhado ao laboratório sob refrigeração, sendo processado em até oito horas após a coleta (Quinn, *et al.*, 2011; Catter; Wise, 2017). Procedimentos semelhantes foram adotados para a coleta de swabs nasais e de secreções biológicas associadas às manifestações clínicas apresentadas pelos animais.

Para o isolamento bacteriano, as amostras foram semeadas em meios de cultura sólidos, incluindo ágar sangue, ágar MacConkey e Cystine Lactose Electrolyte Deficient (CLED) (Kasvi, Itália), além do meio líquido Brain Heart Infusion (BHI) (Kasvi, Itália). As placas e os tubos inoculados foram incubados em estufa bacteriológica a temperaturas entre 35 °C e 37 °C por um período de 24 a 48 horas, conforme protocolos microbiológicos padronizados para cultivo de bactérias de importância clínica (Quinn *et al.*, 2011; Murray *et al.*, 2021). Após o crescimento bacteriano, as colônias foram avaliadas quanto às suas características morfológicas, sendo selecionadas colônias distintas para posterior identificação microbiológica.

A confirmação inicial dos isolados foi realizada por microscopia óptica após coloração de Gram. Para bactérias Gram-positivas, foram conduzidos testes bioquímicos clássicos, incluindo catalase, oxidase e coagulase, além da hidrólise da bile esculina e fermentação em ágar manitol salgado, conforme descrito em protocolos de identificação bacteriana (MacFaddin, 2000; Quinn *et al.*, 2011). Para a identificação de bactérias Gram-negativas, utilizou-se o sistema comercial Bactray® (Laborclin, Brasil), seguindo rigorosamente as recomendações do fabricante.

3.3 Coleta de dados referentes a isolados bacterianos ambientais em unidade de saúde veterinária

Os resultados referentes às amostras ambientais foram obtidos de 9 setores do HV-UFU, Centro Cirúrgico de Grandes Animais (CCGA), Centro Cirúrgico de Pequenos Animais (CCPA), Sala de Técnica Cirúrgica (STC), Unidade de Terapia Intensiva (UTI), Clínica de Pequenos (CPA), Clínica de Grandes (CGA), Setor de Esterilização (SE), Setor de Animais Silvestres (SAS) e Centro Cirúrgico de Animais Silvestres (CCAS). Essas amostras incluíam coletas mensais com swab conservado em 9 mL de solução tampão de transporte Lethen Broth

(LB) (Oxoid®) e molde com área 10 x 10cm (100 cm²), de mãos de funcionários antes e após a antissepsia e superfície.

Todas as amostras obtidas do registro foram processadas no Laboratório de Epidemiologia Molecular da Universidade Federal de Uberlândia (LEPIMOL-UFU). Para avaliação de superfície e mãos foi usado um método qualiquantitativo em ágar Plate Count Agar (PCA), Beta-Lactamase de Espectro Estendido (ESBL) cromogênico, *Klebsiella pneumoniae* Carbapenemase (KPC) cromogênico e Baird Parker (BP).

As colônias isoladas nos meios ESBL cromogênico, KPC cromogênico e BP (enriquecido com Oxacilina) foram submetidas ao teste morfológico de Gram (Laborclin®) e posteriormente identificadas e caracterizadas quanto ao perfil de resistência antimicrobiana pelo equipamento VITEK 2 (bioMérieux).

3.4 Estatística

Foram aplicadas análises estatísticas descritivas aos dados referentes ao tipo de amostra (ambiental ou clínica), às espécies bacterianas identificadas e aos perfis de resistência observados no período de junho de 2024 a junho de 2025. Considerando o reduzido tamanho amostral do estudo, as análises foram baseadas na distribuição de frequências absolutas e relativas dos isolados resistentes e multirresistentes. A avaliação da distribuição da resistência antimicrobiana ao longo do período do estudo foi realizada por meio da organização e comparação dessas frequências entre os diferentes tipos de amostras e entre os períodos seco e chuvoso. Os gráficos foram construídos utilizando o software Graphpad Prisma v.8.0.

4. RESULTADOS

4.1 Distribuição das espécies bacterianas isoladas

A Tabela 1 apresenta a distribuição dos isolados bacterianos provenientes de amostras clínicas, considerando o gênero ou espécie bacteriana, o tipo de amostra e o perfil de resistência observado nos períodos seco e chuvoso. Foram avaliados isolados classificados como resistentes e multirresistentes, permitindo a análise da frequência de ocorrência entre os diferentes microrganismos identificados. No total, foram registrados 93 isolados resistentes, provenientes principalmente de amostras de urina e swabs de ferida, nasais e auriculares.

Tabela 1 – Distribuição dos isolados de acordo com a amostra clínica, considerando período seco e período chuvoso, resistência e multirresistência

Gênero / espécie	Amostra	Condições				Prevalência (n=93) ¹ (%)
		Período seco (n=62) ¹		Periodo chuvoso (n=31) ¹		
		Resistentes	Multirresistentes	Resistentes	Multirresistentes	
<i>Enterococcus</i>	Urina	3	2	1	1	7% (7/93)
	S. Ferida	-	4	-	-	4% (4/93)
<i>Staphylococcus</i>	Urina	3	1	3	-	7% (8/93)
	S. Ferida	-	6	-	-	6% (6/93)
	S. Nasal	-	-	-	1	1% (1/93)
	S. Orelha	4	1	-	-	5% (5/93)
<i>Escherichia coli</i>	Urina	1	6	5	6	18% (19/93)
	S. Ferida	-	3	-	-	3% (3/93)
<i>Proteus mirabilis</i>	Urina	6	3	3	2	14% (15/93)
	S. Ferida	-	1	-	2	3% (3/93)
	S. Nasal	-	1	-	-	1% (1/93)
	S. Orelha	2	-	-	-	2% (2/93)
<i>Pseudomonas paraeruginosa</i>	Urina	-	-	-	2	2% (2/93)
	S.ferida	-	1	-	-	1% (1/93)
	S. Orelha	-	1	-	-	1% (1/93)
<i>Acinetobacter</i>	Urina	1	-	-	-	1% (1/93)
	S. Ferida	-	2	-	-	2% (2/93)
	S. Nasal	-	-	1	-	1% (1/93)
<i>Klebsiella</i>	Urina	-	4	-	2	6% (6/93)
	S. Ferida	-	1	-	-	1% (1/93)
	S. Orelha	-	1	-	1	2% (2/93)
<i>Streptococcus</i>	Urina	3	-	1	-	4% (4/93)
	S. Ferida	-	1	-	-	1% (1/93)
Prevalência (n=93) ² Positivos/total (%)		23 (25%)	39 (42%)	14 (15%)	17 (18%)	93 (100%)

N: número total de isolados de por espécie¹ e número total de amostras coletadas²

No total, foram coletadas 93 amostras, sendo 62 (66%) no período seco e 31 (33%) no período chuvoso. Entre os microrganismos identificados, *Escherichia coli* apresentou a maior frequência em amostras de urina 18/64 (28%), seguida por *Proteus mirabilis* 14/64 (21%) e *Staphylococcus* spp. 7/64 (10%). Esses microrganismos também concentraram maior número de isolados classificados como resistentes e multirresistentes ao longo do período analisado.

Nas amostras clínicas de swab de ferida, *Staphylococcus* spp. apresentou maior frequência 6/23 (26%), seguido por *Escherichia coli* e *Proteus mirabilis*, ambos 3/23 (13%). Nas amostras de swab nasal, foram identificados isolados de *Staphylococcus* spp., *Proteus mirabilis* e *Acinetobacter* spp., cada um representando 1/4 (25%) dos isolados desse tipo de amostra. Em relação às amostras de swab de orelha, *Staphylococcus* spp. apresentou a maior frequência 5/12 (41%), seguido por *Klebsiella* spp. 2/12 (16%), *Proteus mirabilis* 2/12 (16%) e *Pseudomonas paraeruginosa* 1/12 (8%).

Quanto à distribuição sazonal, o período seco concentrou maior número de isolados resistentes e multirresistentes em comparação ao período chuvoso, o que acompanha o maior número de amostras coletadas nesse intervalo. Ainda assim, isolados multirresistentes também foram observados no período chuvoso, principalmente em amostras de urina associadas a *Escherichia coli* e *Klebsiella* spp.

De forma geral, as amostras urinárias concentraram a maior frequência de isolados bacterianos no estudo, com destaque para *Escherichia coli* e *Proteus mirabilis*, enquanto amostras de swab de ferida e de orelha apresentaram maior diversidade de microrganismos.

Tabela 2 - Distribuição dos isolados de acordo com a amostra ambiental, considerando sazonalidade, resistência e multirresistência

Gênero / espécie	Amostra	Condições				Prevalência (n=20) ¹
		Período seco (n=5) ¹		Periodo chuvoso (n=15) ¹		
		Resistentes	Multirresistentes	Resistentes	Multirresistentes	
<i>Acinetobacter</i>	Mão antes	1	1	4	-	30% (6/20)
	Superfície	1		4	1	30% (6/20)
<i>Staphylococcus</i>	Mão antes	-	-	1	-	5% (1/20)
	Superfície			1		5% (1/20)
<i>Klebsiella</i>	Superfície	-	-	-	3	15% (3/20)
<i>Pseudomonas spp.</i>	Superfície	1	-	1	-	10% (2/20)
<i>Escherichia coli</i>	Mão antes	-	1	-	-	5% (1/20)
Prevalência (n=20) ²						
Positivos/total (%)		3 (15%)	2 (10%)	11 (55)	4 (20)	20 (100)

N: número total de isolados de por espécie¹ e número total de amostras coletadas²

No total, foram coletadas 20 amostras ambientais, sendo 5 (25%) coletadas no período seco e 15 (75%) no período chuvoso. Entre os microrganismos identificados, *Acinetobacter* spp. apresentou a maior prevalência em amostras coletadas antes da higienização das mãos 6/13 (46%), seguido por isolados provenientes de superfícies 6/21 (28%). Esses resultados evidenciam a presença desse microrganismo tanto em superfícies quanto em amostras relacionadas à manipulação direta no ambiente hospitalar.

Nas amostras coletadas antes da higienização das mãos, também foram identificados *Staphylococcus* spp. e *Escherichia coli*, ambos com prevalência de 1/13 (7%). Esses achados demonstram a diversidade de microrganismos presentes nas mãos antes da realização de procedimentos de higiene. Em relação às superfícies do ambiente hospitalar, observou-se a presença de *Klebsiella* spp., com prevalência de 3/21 (14%), além de isolados de *Acinetobacter* spp. 6/21 (28%).

Considerando a sazonalidade, verificou-se maior número de isolados no período chuvoso quando comparado ao período seco, o que pode estar relacionado ao maior número de amostras coletadas nesse período. De maneira geral, os resultados demonstram a presença de diferentes microrganismos potencialmente associados a infecções hospitalares tanto em superfícies quanto em amostras relacionadas à higienização das mãos.

Os principais perfis de resistência antimicrobiana identificados nas amostras clínicas e ambientais estão apresentados na Tabela 3. Outros perfis foram observados de forma esporádica, não sendo possível estabelecer um padrão consistente para análise. No total, foram analisados 28 isolados provenientes de amostras clínicas e 22 isolados provenientes de amostras ambientais.

Tabela 3 – Principais perfis de resistência em amostras clínicas e ambientais

Perfil	Antibiótico	n (%)	Amostras Clínicas				Amostras Ambientais		
			Urina	S. Nasal	S. Orelha	S. Ferida	Superfície	Ambiente	Mão Antes
P1	β-lactâmicos + aminoglicosídeos	6 (12)	1	-	-	1	4	-	-
P2	β-lactâmicos + aminoglicosídeos + fluoroquinolonas	7 (14)	2	-	-	-	3	-	2
P3	β-lactâmicos	7 (14)					5	-	2
P4	carbapenêmicos	6 (12)		-	-	-	3	-	3
P5	Penicilina	6 (12)	5	-	1		-	-	-
P6	Nitrofurantoína	7 (14)	7	-	-	-	-	-	-
P7	Fluoroquinolonas	6 (12)	6	-	-	-	-	-	-
P8	Penicilina+cefalosporina+fluoroquinolona	5 (10)	5	-	-	-	-	-	-
Total		50 (100)	26	-	1	1	15	-	7

Distribuição dos perfis de resistência antimicrobiana (P1–P8) de isolados bacterianos segundo as classes de antibióticos e o tipo de amostra de origem. Os valores representam o número de isolados (n) e sua frequência relativa (%). As amostras foram classificadas em clínicas (urina, swab nasal, swab de orelha e swab de ferida) e ambientais (superfície, ambiente e mãos antes do atendimento). O símbolo “-” indica ausência de isolados para a categoria correspondente.

Entre as amostras clínicas, observou-se maior frequência de isolados resistentes associados aos perfis P6, P7 e P5. O perfil P6, caracterizado pela resistência à nitrofurantoína, apresentou sete isolados, seguido pelo perfil P7, relacionado à resistência a fluoroquinolonas, com seis isolados. Já o perfil P5, correspondente à resistência às penicilinas, apresentou cinco isolados.

Perfis de resistência associados à combinação de diferentes classes de antimicrobianos também foram identificados, como o perfil P1 (β-lactâmicos associados a aminoglicosídeos), com isolados detectados em amostras de urina, swab de ferida e superfície, e o perfil P2 (β-lactâmicos, aminoglicosídeos e fluoroquinolonas), indicando a presença de microrganismos com resistência a múltiplas classes de antimicrobianos, com isolados detectados em amostras de urina, superfície e mão.

Nas amostras ambientais, observou-se maior frequência do perfil P3, associado à resistência a β-lactâmicos, com sete isolados identificados, sendo cinco provenientes de superfícies e dois de amostras coletadas antes da higienização das mãos. O perfil P4, relacionado à resistência a carbapenêmicos, também apresentou ocorrência relevante no

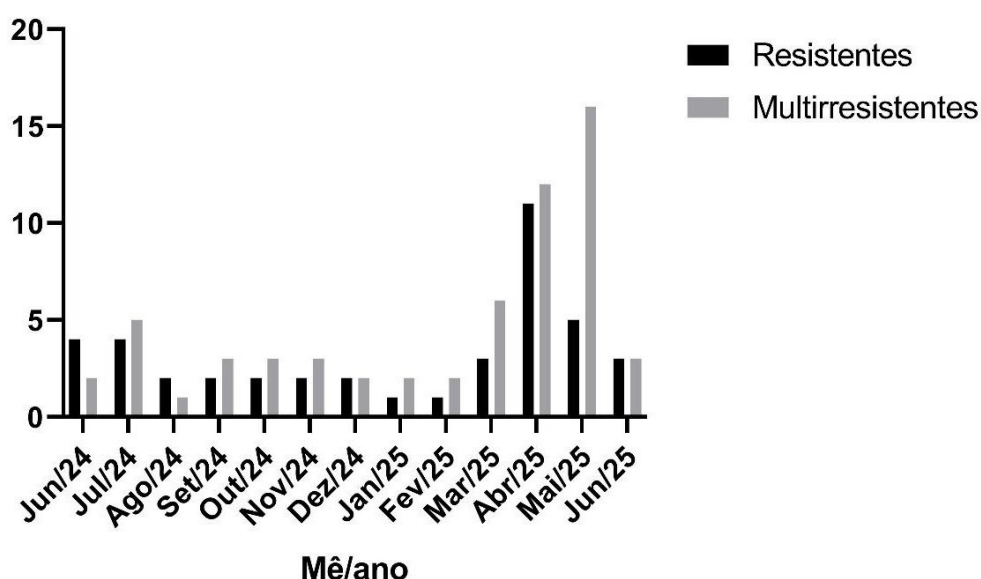
ambiente, com três isolados em superfícies e três em amostras coletadas antes da higienização das mãos.

De maneira geral, os resultados evidenciam a presença de diferentes perfis de resistência antimicrobiana tanto em amostras clínicas quanto ambientais, incluindo perfis associados à resistência a múltiplas classes de antimicrobianos, o que reforça a importância da vigilância microbiológica em ambientes hospitalares veterinários.

4.2 Distribuição temporal dos isolados resistentes e multirresistentes

No total, foram obtidos 103 isolados nas amostras clínicas, dos quais 43/103 (41%) apresentaram perfil resistente, e 60/103 (58%) perfil multirresistente. Entre junho de 2024 e março de 2025, observou-se certa estabilidade no número de isolados clínicos, com mínimo de três registros em agosto de 2024, janeiro e fevereiro de 2025, e máximo de nove isolados em julho de 2024 e março de 2025, com pequenas oscilações entre os perfis de resistência (total de 43 isolados) e multirresistência (total de 60 isolados). A partir de março de 2025, entretanto, verificou-se que houve um aumento no número de isolados MR, com destaque para abril com vinte e três isolados e maio com vinte e um de 2025, meses que apresentaram os maiores valores registrados. Em maio de 2025 foi observado o pico de isolados multirresistentes, superando o número de isolados apenas resistentes. Embora ambos os perfis tenham sido identificados ao longo de todo o período estudado, a multirresistência apresentou maior frequência nos meses de maior número de isolados, apresentando 12/23 (52%) dos isolados.

Figura 1 – Distribuição temporal do número de isolados por mês e ano, considerando as amostras clínicas do HOVET entre os anos de 2024 e 2025

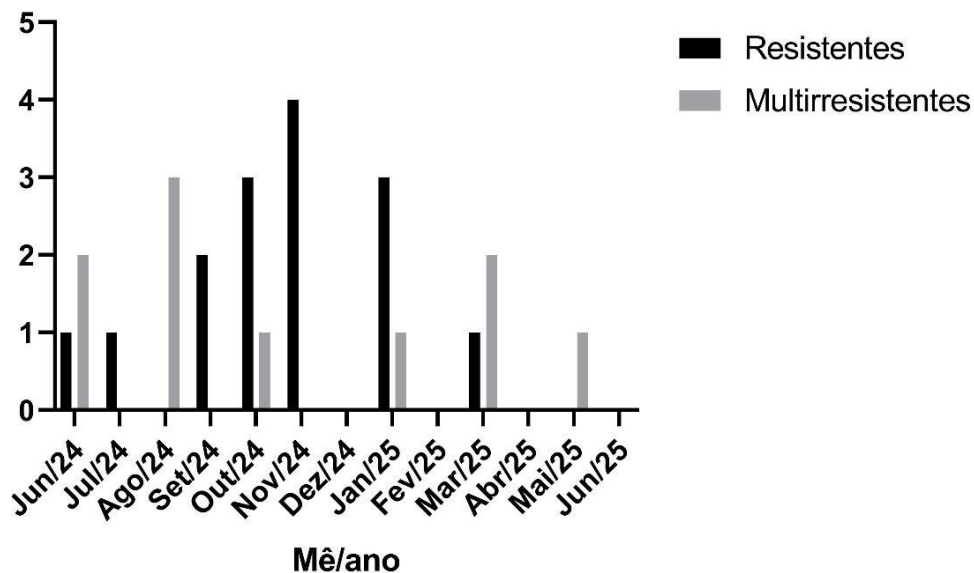


Nas amostras biológicas, no ano de 2024, o maior número de isolados foi registrado em julho ($n=9$), seguido pelos meses de setembro, outubro e novembro ($n=5$ cada). Nesse período, observou-se distribuição relativamente equilibrada entre isolados resistentes e multirresistentes, com discreta predominância de resistência simples na maioria dos meses analisados.

Em 2025, verificou-se aumento expressivo no número total de isolados, especialmente nos meses de abril ($n=23$) e maio ($n=21$), que corresponderam aos maiores registros de todo o período analisado. Em abril, observou-se distribuição semelhante entre isolados resistentes 11/23 (47,8%) e multirresistentes 12/23 (52,2%). Já em maio, houve predominância de isolados multirresistentes 16/21 (76,2%).

Foi possível observar variação temporal no número de isolados bacterianos resistentes ($n=15$) e multirresistentes ($n=10$) ao longo do período de um ano. Os isolados resistentes foram detectados com maior frequência entre setembro de 2024 e janeiro de 2025, com destaque para novembro de 2024, mês que apresentou o maior número de isolados resistentes. Já os isolados multirresistentes foram identificados de forma mais esporádica ao longo do período, com registros principalmente em junho e agosto de 2024, além de ocorrências pontuais em janeiro, março e abril de 2025 (Figura 2).

Figura 2 – Distribuição temporal do número de isolados por mês e ano, considerando as amostras ambientais e de superfícies do HOVET entre os anos de 2024 e 2025



Em outubro, observou-se predominância de isolados com perfil resistente 3/4 (75%), enquanto em novembro todos os isolados identificados apresentaram esse perfil 4/4 (100%). Ainda em 2024, o mês de agosto destacou-se pelo predomínio de isolados multirresistentes 3/3 (100%), enquanto junho apresentou maior proporção de multirresistência 2/3 (66,7%) em comparação aos isolados apenas resistentes 1/3 (33,3%).

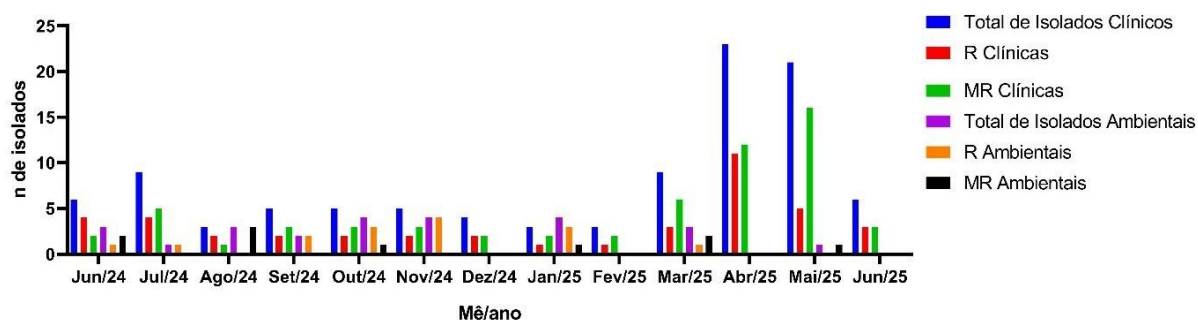
No ano de 2025, manteve-se a ocorrência de isolados resistentes e multirresistentes, com maior número total registrado em janeiro ($n=4$), dos quais 3/4 (75%) foram classificados como resistentes e 1/4 (25%) como multirresistentes. Em março, verificou-se predominância de isolados multirresistentes 2/3 (66,7%), enquanto em maio foi identificado apenas um isolado, classificado como multirresistente 1/1 (100%).

De modo geral, nas amostras biológicas observou-se aumento na frequência de isolados ao longo do primeiro semestre de 2025, acompanhado por maior proporção de multirresistência nos meses com maior número de ocorrências. Em contraste, nas amostras ambientais, incluindo mãos e superfícies, os isolados classificados como resistentes apresentaram maior frequência em comparação aos multirresistentes durante a maior parte do período estudado.

4.3 Distribuição temporal agrupada dos isolados resistentes e multirresistentes

O total de amostras clínicas com perfil resistente foi de 43/103 (41,7%), enquanto as de perfil multirresistente corresponderam a 60/103 (58,3%). Já nas amostras ambientais, 15/25 (60%) apresentaram perfil resistente e 10/25 (40%) perfil multirresistente. Observou-se que, nos meses em que houve aumento no total de isolados clínicos, especificamente em abril e maio de 2025, com vinte e três e vinte e um isolados, respectivamente, o total de isolados ambientais não acompanhou essa elevação (Figura 3).

Figura 3 – Distribuição temporal do número de isolados por mês e ano, considerando as amostras clínicas, ambientais e de superfícies do HOVET entre os anos de 2024 e 2025



R= resistentes MR= multirresistentes

Os picos de isolamento clínico e ambiental ocorreram em momentos distintos, sugerindo uma ausência de correlação temporal evidente entre os isolados provenientes das amostras clínicas e ambientais.

Além disso, o número de isolados provenientes de amostras ambientais foi inferior ao observado nas amostras clínicas ao longo de todo o período avaliado. Da mesma forma, esses isolados não apresentaram distribuição regular ao longo dos meses e não apresentaram um padrão temporal definido. Ressalta-se, ainda, que para uma análise mais robusta é necessária a obtenção de um maior volume de dados, a fim de confirmar as informações descritivas apresentadas.

5. DISCUSSÃO

As bactérias identificadas neste estudo são potencialmente associadas a infecções hospitalares, com destaque para *Escherichia coli*, *Staphylococcus* spp. e *Proteus mirabilis* nas amostras clínicas, além da identificação de *Acinetobacter* spp. e *Klebsiella* spp. nas amostras ambientais.

Entre as amostras clínicas, observou-se maior prevalência de *Escherichia coli* em amostras de urina, seguida por *Proteus mirabilis* em amostra de urina e *Staphylococcus* spp. em diferentes amostras. A predominância de *E. coli* em infecções urinárias já é amplamente descrita na literatura. A ocorrência desta espécie em infecções urinárias é de 19% em gatos e 14% em cães, sendo que, na maioria dos casos, a bactéria envolvida já é residente no intestino e ascende pelo trato urinário (Jousserand *et al.*, 2025). Cerca de 30% das infecções de trato urinário (ITUs) são causadas por *E. coli*, sendo um isolado obtido no Hospital Veterinário da Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da Universidade Federal de Goiás (HV/EVZ/UFG) resistente a treze antibióticos diferentes, sendo sensível apenas para piperacilina-tazobactam (inibidor de beta-lactamase) e ampicilina (aminoglicosídeo) (Martins *et al.*, 2020).

Em relação ao *Proteus mirabilis*, observou-se maior ocorrência em amostras de urina com 21,8% (14/64). Esta espécie é responsável por casos graves de cistite e de difícil tratamento devido à formação de biofilmes fortes no endotélio da vesícula urinária (Decôme *et al.*, 2020). Um estudo observacional retrospectivo com 48 culturas de urina canina positivas para *Proteus mirabilis* apresentou 45,8% dos isolados resistentes a pelo menos um antimicrobiano testado, sendo que 92,3% desses cães apresentavam cistite bacteriana, 5,1% pielonefrite e um cão (2,5%) apresentou ambas as enfermidades (Decôme *et al.*, 2020).

Já nas amostras de swab de ferida e swab de orelha, destacou-se a presença de *Staphylococcus* spp., microrganismo frequentemente associado a infecções cutâneas e otológicas em cães e gatos. Vale destacar sua capacidade de estabelecer infecções invasivas, por meio da aderência e danificação do tecido do hospedeiro, permitindo o desenvolvimento de multirresistência e condições potencialmente fatais ao hospedeiro (Touaitia *et al.*, 2025). Silva (2001), em seu estudo, analisou 96 amostras de swabs de orelha em cães com otite externa crônica para isolamento de espécies de *Staphylococcus* spp., sendo obtidas 57 amostras positivas, ou seja, 59%, caracterizando-as como patógenos potenciais frequentemente relatados em ambientes hospitalares.

Acinetobacter spp. foi isolada nas amostras de mãos antes da antissepsia, com 46% (6/13), e nas amostras de superfície, com 28,5% (6/21), o que indica um possível reservatório, visto que as infecções causadas por esse patógeno são comumente adquiridas em ambiente hospitalar (Van der Kolk *et al.*, 2019). Diante desses resultados, torna-se fundamental evitar a contaminação cruzada, considerando o potencial de gravidade das infecções associadas a esse microrganismo. Em um estudo envolvendo 19 cães e 8 gatos, foi realizado o isolamento de *Acinetobacter baumannii* a partir de diferentes tipos de amostras clínicas, incluindo urina, trato respiratório, tecidos e sangue, demonstrando transmissão associada à unidade de terapia intensiva. Entre os 23 animais avaliados, 22 estavam previamente hospitalizados e a taxa de mortalidade observada foi de 70% (16/23) (Kuzi *et al.*, 2016). Nesse contexto, a adoção de protocolos rigorosos de limpeza em superfícies de alto contato, associada ao monitoramento da eficácia da higienização por meio de marcadores fluorescentes, tem sido relacionada ao aumento da qualidade da limpeza ambiental e à redução das taxas de colonização e infecção por *A. baumannii* multirresistente em pacientes hospitalizados (Li *et al.*, 2021).

Quanto aos perfis de resistência antimicrobiana, foram identificados diferentes padrões de resistência tanto em amostras clínicas quanto ambientais, destacando-se perfis associados à resistência a β -lactâmicos, aminoglicosídeos e fluoroquinolonas.

Em relação aos β -lactâmicos, esses antimicrobianos atuam inibindo a síntese da parede celular bacteriana. Entretanto, as bactérias podem desenvolver resistência por diferentes mecanismos, principalmente pela produção de β -lactamases, enzimas capazes de hidrolisar o anel β -lactâmico e inativar o antibiótico. Esse fenômeno tem sido amplamente descrito em microrganismos como *Escherichia coli*, *Salmonella* spp., *Staphylococcus* spp. e *Enterococcus* spp. (Li *et al.*, 2007).

As fluoroquinolonas são antibióticos amplamente utilizados devido ao seu amplo espectro de ação contra bactérias Gram-negativas e Gram-positivas. Seu mecanismo de ação baseia-se na inibição das enzimas DNA girase e topoisomerase IV, essenciais para os processos de replicação e transcrição do DNA bacteriano (Zahari *et al.*, 2023). No entanto, a resistência a essa classe tem aumentado progressivamente, envolvendo mutações em genes que codificam as enzimas alvo do antibiótico, além da ação de bombas de efluxo que reduzem a concentração intracelular do fármaco. Esses mecanismos podem favorecer a seleção de cepas resistentes em ambiente veterinário, tornando o monitoramento da resistência antimicrobiana fundamental para a manutenção da eficácia terapêutica dessas drogas (Palma; Tilocca; Roncada, 2020).

Sobre os aminoglicosídeos, não é diferente, havendo o desenvolvimento de resistência por diversos mecanismos. Os três principais mecanismos de resistência bacteriana aos AGs são a

redução da concentração intracelular do antimicrobiano, a modificação enzimática do fármaco e a modificação do alvo molecular. Assim como nas demais classes, destaca-se a importância da atenção a esses mecanismos e ao desenvolvimento de resistência (Van Duijkeren *et al.*, 2019).

A identificação de microrganismos resistentes a múltiplas classes de antimicrobianos é considerada um importante desafio para a prática clínica, uma vez que pode limitar as opções terapêuticas disponíveis e agravar o quadro clínico do animal. Esses achados reforçam a necessidade da implementação de medidas de controle microbiológico, monitoramento da resistência antimicrobiana e adoção de práticas adequadas de higiene e biossegurança, visando reduzir a disseminação de microrganismos resistentes no ambiente hospitalar.

6. CONCLUSÃO

Conclui-se que não foi possível estabelecer relação direta entre os microrganismos identificados nas amostras ambientais e clínicas. Entretanto, a detecção de bactérias resistentes e multirresistentes no ambiente hospitalar veterinário evidencia seu potencial papel na manutenção e circulação desses microrganismos, reforçando a importância da vigilância microbiológica, da biossegurança e do uso racional de antimicrobianos na prevenção da disseminação da resistência antimicrobiana.

REFERÊNCIAS

ORGANIZAÇÃO PAN-AMERICANA DA SAÚDE. Resistência antimicrobiana. PAHO/OPAS, [2024]. Disponível em: <https://www.paho.org/pt/topicos/resistencia-antimicrobiana>. Acesso em: 05 ago. 2025.

APHA (1998) Métodos Padrão para o Exame de Água e Esgoto. 20ª Edição, Associação Americana de Saúde Pública, Associação Americana de Obras Hidráulicas e Federação Ambiental da Água, Washington DC. - Referências - Publicação de Pesquisa Científica. Disponível em: <https://www.scirp.org/reference/ReferencesPapers?ReferenceID=1909322>. Acesso em: 20 ago. 2025.

ARIAS, M. V. B.; CARRILHO, C. M. D. D. M. Resistência antimicrobiana nos animais e no ser humano. Há motivo para preocupação. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 33, n. 2, p. 775–790, 15 maio 2012. DOI: 10.5433/1679-0359.2012v33n2p775. Disponível em: <http://www.uel.br/revistas/uel/index.php/semagrarias/article/view/7753>. Acesso em: 30 jun. 2025.

BOYCE, J. M. Hand and environmental hygiene: respective roles for MRSA, multi-resistant gram negatives, Clostridioides difficile, and Candida spp. **Antimicrobial Resistance and Infection Control**, v. 13, p. 110, 27 set. 2024. DOI: 10.1186/s13756-024-01461-x. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC11437781/>. Acesso em: 17 ago. 2025.

CHICUTI, M. M.; PAIER, G. G. S.; SENHORELLO, I. L. S. Avaliação do uso de antimicrobianos e suas interações medicamentosas em cães e gatos hospitalizados. **Ars Veterinaria**, v. 38, n. 3, p. 139–148, 28 set. 2022. DOI: 10.15361/2175-0106.2022v38n3p139-148. Disponível em: <https://www.arsveterinaria.org.br/index.php/ars/article/view/1473>. Acesso em: 20 ago. 2025.

DE MEDEIROS, A. B. M. *et al.* Antimicrobial Resistance and One Health: Companion Animals as Reservoirs of Bacteria and Resistance Genes in Brazil. **Revista de Gestão Social e Ambiental**, São Paulo, Brazil, v. 19, n. 3, p. 1–14, 2025. DOI:

10.24857/rgsa.v19n3-114. Disponível em:
<https://www.proquest.com/docview/3189196232/abstract/41C921849CD04142PQ/1>.
 Acesso em: 19 ago. 2025.

DUMONT, C. F. *et al.* Insight into microbiological control potential of pathogens in a veterinary hospital. **Journal of Hospital Infection**, v. 150, p. 169–171, ago. 2024. DOI: 10.1016/j.jhin.2024.05.002. Disponível em:
<https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S0195670124001701>. Acesso em: 30 jun. 2025.

ELSHOBARY, M. E. *et al.* Combating Antibiotic Resistance: Mechanisms, Multidrug-Resistant Pathogens, and Novel Therapeutic Approaches: An Updated Review. **Pharmaceuticals**, v. 18, n. 3, p. 402, mar. 2025. DOI: 10.3390/ph18030402. Disponível em: <https://www.mdpi.com/1424-8247/18/3/402>. Acesso em: 19 ago. 2025.

FILHO, A. R. do N. *et al.* Perfis de resistência antimicrobiana de bactérias isoladas de caninos atendidos no serviço de oncologia em uma clínica veterinária particular no segundo semestre de 2023. **Revista Lusófona de Ciência e Medicina Veterinária**, v. 17, p. 30–47, 8 nov. 2024. DOI: 10.60543/rbcmv.v17i.9822. Disponível em:
<https://revistas.ulusofona.pt/index.php/rbcmv/article/view/9822>. Acesso em: 18 ago. 2025.

GBD 2021 Antimicrobial resistance collaborators. Global burden of bacterial antimicrobial resistance 1990–2021: a systematic analysis with forecasts to 2050. **Lancet (London, England)**, v. 404, n. 10459, p. 1199–1226, 28 set. 2024. DOI: 10.1016/S0140-6736(24)01867-1. Acesso em: 18 ago. 2025.

GIORDANI, C. *et al.* Multiresistant bacteria isolated from domestic and wild animals with skin lesions were susceptible to native plants from Southern Brazil. **Natural Product Research**, v. 36, n. 11, p. 2927–2931, jun. 2022. DOI: 10.1080/14786419.2021.1933972. Acesso em: 18 ago. 2025.

GOTTARDO, A. *et al.* Uso indiscriminado de antimicrobianos na medicina veterinária e o risco para saúde pública. **C. E.**, 2021. Disponível em:
<https://revistas.fucamp.edu.br/index.php/getec/article/view/2374>. Acesso em: 10 de ago. 2025.

HASAN, C. M.; DUTTA, D.; NGUYEN, A. N. T. Revisiting Antibiotic Resistance: Mechanistic Foundations to Evolutionary Outlook. **Antibiotics**, [s. l.], v. 11, n. 1, p. 40, 30 dez. 2021. DOI: 10.3390/antibiotics11010040. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC8773413/>. Acesso em: 19 ago. 2025.

KUBDE, D. *et al.* Importance of Hospital Infection Control. **Cureus**, [s. l.], v. 15, n. 12, p. e50931, 2023. DOI: 10.7759/cureus.50931. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC10801286/>. Acesso em: 15 ago. 2025.

MAILLARD, J.-Y. Resistance of Bacteria to Biocides. **Microbiology Spectrum**, [s. l.], v. 6, n. 2, abr. 2018. DOI: 10.1128/microbiolspec.ARBA-0006-2017. Acesso em: 18 ago. 2025.

MCEWEN, S. A.; COLLIGNON, P. J. Antimicrobial Resistance: a One Health Perspective. **Microbiology Spectrum**, v. 6, n. 2, mar. 2018. DOI: 10.1128/microbiolspec.ARBA-0009-2017. Acesso em: 13 ago. 2025.

MENEZES, M. P. *et al.* Multidrug-Resistant Bacteria Isolated From Surgical Site of Dogs, Surgeon's Hands and Operating Room in a Veterinary Teaching Hospital in Brazil. **Topics in Companion Animal Medicine**, [s. l.], v. 49, p. 100638, 2022. DOI: 10.1016/j.tcam.2022.100638. Acesso em: 18 ago. 2025.

MONTAGNA, M. T. *et al.* Study on the In Vitro Activity of Five Disinfectants against Nosocomial Bacteria. **International Journal of Environmental Research and Public Health**, [s. l.], v. 16, n. 11, p. 1895, jun. 2019. DOI: 10.3390/ijerph16111895. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6603693/>. Acesso em: 17 ago. 2025.

NOGUEIRA, H. S. *et al.* Antibacterianos: Principais classes, mecanismos de ação e resistência. **Revista Unimontes Científica**, [s. l.], v. 18, n. 2, p. 96–108, 2016. Disponível em: <https://www.periodicos.unimontes.br/index.php/unicientifica/article/view/1811>. Acesso em: 19 ago. 2025.

PALMA, E.; TILOCCA, B.; RONCADA, P. Antimicrobial Resistance in Veterinary Medicine: An Overview. **International Journal of Molecular Sciences**, [s. l.], v. 21, n. 6, p. 1914, jan. 2020. DOI: 10.3390/ijms21061914. Disponível em: <https://www.mdpi.com/1422-0067/21/6/1914>. Acesso em: 13 ago. 2025.

PASQUARELLA, C.; PITZURRA, O.; SAVINO, A. The index of microbial air contamination. **The Journal of Hospital Infection**, [s. l.], v. 46, n. 4, p. 241–256, dez. 2000. DOI: 10.1053/jhin.2000.0820. Acesso em: 18 ago. 2025.

PAULA, Y. H. de; MAGALHÃES, H. I. R.; PEREIRA, J. B. Avaliação microbiológica da sala cirúrgica de pequenos animais do Centro Clínico Veterinário (CCV) do Centro Universitário de Patos de Minas - UNIPAM. **Perquirere**, [s. l.], v. 14, n. 2, p. 43–58, 2017. Disponível em: <https://revistas.unipam.edu.br/index.php/perquirere/article/view/3366>. Acesso em: 17 ago. 2025.

Prescrições antimicrobianas para cães com doenças respiratórias.pdf. Junho 2023. Disponível em: [https://repositorio.ufu.br/bitstream/123456789/39385/1/Prescri%
c3%a7%c3%b5esAntimicrobianasPara.pdf](https://repositorio.ufu.br/bitstream/123456789/39385/1/Prescri%c3%a7%c3%b5esAntimicrobianasPara.pdf). Acesso em: 25 ago. 2025.

ANVISA. PROGRAMA NACIONAL DE PREVENÇÃO E CONTROLE DE INFECÇÕES RELACIONADAS A ASSISTÊNCIA A SAÚDE. Março 2021. Disponível em: [https://www.gov.br/anvisa/pt-br/centraisdeconteudo/publicacoes/servicosdesaude/publicacoes/pnpciras_2021_2025.p
df](https://www.gov.br/anvisa/pt-br/centraisdeconteudo/publicacoes/servicosdesaude/publicacoes/pnpciras_2021_2025.pdf). Acesso em: 15 ago. 2025.

RABELO, R. C. **Guia de Uso Racional de Antimicrobianos para Cães e Gatos**. Brasília, DF: Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, 22 jun. 2022. Disponível em: <https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/insumos->

agropecuarios/insumos-pecuarios/resistencia-aos-antimicrobianos/publicacoes/livroantimicrobianosv22.pdf. Acesso em: 19 de ago. de 2025.

RACHED, R. Z. *et al.* Veterinary Prescriptions of Antibiotics Approved for Human Use: A Five-Year Analysis of Companion Animal Use and Regulatory Gaps in Brazil. **Veterinary Sciences**, [s. l.], v. 12, n. 7, p. 652, jul. 2025. DOI: 10.3390/vetsci12070652. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2306-7381/12/7/652>. Acesso em: 20 ago. 2025.

RODRIGUES, D. C. S.; FERREIRA, N. V.; CONCEIÇÃO NETO, O. C. D. Mecanismos de Resistência a Antimicrobianos. In: ASSEF, A. P. D. C.; SANTOS, L. M. L.; ZAHNER, V. (org.). **Superbactérias resistentes a antimicrobianos**. [S. l.]: Coleção Bio | Editora FIOCRUZ, 2025. p. 93–110. DOI: 10.7476/9786557082331.0007. Disponível em: <https://books.scielo.org/id/ghzxr/pdf/assef-9786557082331-07.pdf>. Acesso em: 19 ago. 2025.

SALGADO-CAXITO, M. *et al.* Risk factors associated with faecal carriage of extended-spectrum cephalosporin-resistant *Escherichia coli* among dogs in Southeast Brazil. **Preventive Veterinary Medicine**, [s. l.], v. 190, p. 105316, maio 2021. DOI: 10.1016/j.prevetmed.2021.105316. Acesso em: 20 ago. 2025.

SFACIOTTE, R. A. P. *et al.* Detection of the main multiresistant microorganisms in the environment of a teaching veterinary hospital in Brazil. **Pesquisa Veterinária Brasileira**, [s. l.], v. 41, p. e06706, 2021. DOI: 10.1590/1678-5150-pvb-6706. Disponível em: http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0100-736X2021000100419&tlng=en. Acesso em: 30 jun. 2025.

SILVA, C. P. *et al.* CTX-M-15-producing *Klebsiella pneumoniae* ST273 associated with nasal infection in a domestic cat. **Journal of Global Antimicrobial Resistance**, [s. l.], v. 28, p. 203–205, mar. 2022. DOI: 10.1016/j.jgar.2022.01.004. Acesso em: 10 ago. 2025.

SILVA, N. D.; JUNQUEIRA, V. C. A.; SILVEIRA, N. F. D. A. **Manual de Métodos de Análise Microbiológica de Alimentos e Água**. 6. ed. [S. l.]: Blucher, 2021. DOI: 10.5151/9786555062977. Disponível em:

<https://www.blucher.com.br/livro/detalhes/manual-de-metodos-de-analise-microbiologica-de-alimentos-e-agua-1847>. Acesso em: 20 ago. 2025.

SOUZA, A. D. *et al.* Avaliação da concordância da dispensação de antimicrobianos em relação aos microrganismos isolados em culturas de um hospital no meio-oeste catarinense. **Revista Brasileira de Análises Clínicas**, [s. l.], v. 51, n. 4, 2020. DOI: 10.21877/2448-3877.201900874. Disponível em: <http://www.rbac.org.br/artigos/avaliacao-da-concordancia-da-dispensacao-de-antimicrobianos-em-relacao-aos-microrganismos-isolados-em-culturas-de-um-hospital-no-meio-oeste-catarinense/>. Acesso em: 8 ago. 2025.

VIMIEIRO, P.; LEAL DE OLIVEIRA, L. Antibióticos na clínica cirúrgica de animais de companhia: Revisão. **Pubvet**, [s. l.], v. 15, n. 09, 3 set. 2021. DOI: 10.31533/pubvet.v15n09a918.1-10. Disponível em: <https://ojs.pubvet.com.br/index.php/revista/article/view/205>. Acesso em: 20 ago. 2025.

WALKER, M. *et al.* Bacterial contamination of gloves worn by small animal surgeons in a veterinary teaching hospital. **The Canadian Veterinary Journal**, [s. l.], v. 55, n. 12, p. 1160–1162, dez. 2014. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4231802/>. Acesso em: 17 ago. 2025.

BRASIL. *Uma Só Saúde*. Ministério da Saúde. Nov. 2024 Disponível em: <https://www.gov.br/saude/pt-br/assuntos/saude-de-a-a-z/u/uma-so-saude>. Acesso em: 8 ago. 2025.

Conselho Federal de Medicina Veterinária (CFMV). Desafios e estratégias no combate à resistência antimicrobiana na clínica veterinária: impactos na saúde animal e humana. Revista CFMV. Set. 2024 Disponível em: <https://revista.cfmv.gov.br/desafios-e-estrategias-no-combate-a-resistencia-antimicrobiana-na-clinica-veterinaria-impactos-na-saude-animal-e-humana/>. Acesso em: 13 de ago. 2025.

ARIAS, M. V. B.; CARRILHO, C. M. D. D. M. Resistência antimicrobiana nos animais e no ser humano. Há motivo para preocupação. **Semina: Ciências Agrárias**, [s. l.], v. 33, n. 2, p. 775–790, 15 maio 2012. DOI: 10.5433/1679-0359.2012v33n2p775. Disponível em: <http://www.uel.br/revistas/uel/index.php/semagrarias/article/view/7753>. Acesso em: 30 jun. 2025.

BURMEISTER, A. R. Horizontal Gene Transfer. **Evolution, Medicine, and Public Health**, [s. l.], v. 2015, n. 1, p. 193–194, 29 jul. 2015. DOI: 10.1093/emph/eov018. Disponível em: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC4536854/>. Acesso em: 27 fev. 2026.

CHILLER, K.; SELKIN, B. A.; MURAKAWA, G. J. Skin Microflora and Bacterial Infections of the Skin. **Journal of Investigative Dermatology Symposium Proceedings**, [s. l.], v. 6, n. 3, p. 170–174, 1 dez. 2001. DOI: 10.1046/j.0022-202x.2001.00043.x. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022202X15529011>. Acesso em: 19 jan. 2026.

DECÔME, M. *et al.* Clinical significance of *Proteus mirabilis* bacteriuria in dogs, risk factors and antimicrobial susceptibility. **Canadian Journal of Veterinary Research**, [s. l.], v. 84, n. 4, p. 252–258, out. 2020a. Disponível em: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC7490997/>. Acesso em: 15 mar. 2026.

DECÔME, M. *et al.* Clinical significance of *Proteus mirabilis* bacteriuria in dogs, risk factors and antimicrobial susceptibility. **Canadian Journal of Veterinary Research**, [s. l.], v. 84, n. 4, p. 252–258, out. 2020b. Disponível em: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC7490997/>. Acesso em: 11 mar. 2026.

DUMONT, C. F. *et al.* Insight into microbiological control potential of pathogens in a veterinary hospital. **Journal of Hospital Infection**, [s. l.], v. 150, p. 169–171, ago. 2024. DOI: 10.1016/j.jhin.2024.05.002. Disponível em: <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S0195670124001701>. Acesso em: 30 jun. 2025.

GOTTARDO, A. *et al.* USO INDISCRIMINADO DE ANTIMICROBIANOS NA MEDICINA VETERINÁRIA E O RISCO PARA SAÚDE PÚBLICA. **C. E.**, [s. l.],

HEDSTRÖM, M. *et al.* The effect of urine storage temperature and boric acid preservation on quantitative bacterial culture for diagnosing canine urinary tract infection. **BMC veterinary research**, [s. l.], v. 17, n. 1, p. 379, 8 dez. 2021. DOI: 10.1186/s12917-021-03083-6.

JOUSSERAND, N. *et al.* Zoonotic potential of uropathogenic *Escherichia coli* lineages from companion animals. **Veterinary Research**, [s. l.], v. 56, p. 69, 2025. DOI: 10.1186/s13567-025-01493-0. Disponível em: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC11948896/>. Acesso em: 11 mar. 2026.

KELLY, J. B.; NOLAN, A. C.; ZEDEN, M. S. How can we escape the ESKAPEs: Antimicrobial resistance mechanisms and what lies ahead? **PLOS Pathogens**, [s. l.], v. 20, n. 6, p. e1012270, 13 jun. 2024. DOI: 10.1371/journal.ppat.1012270. Disponível em: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC11175505/>. Acesso em: 27 fev. 2026.

KUZI, S. *et al.* Multi-drug-resistant *Acinetobacter calcoaceticus*-*Acinetobacter baumannii* complex infection outbreak in dogs and cats in a veterinary hospital. **The Journal of Small Animal Practice**, [s. l.], v. 57, n. 11, p. 617–625, nov. 2016. DOI: 10.1111/jsap.12555.

LI, Y. *et al.* Impact of environmental cleaning on the colonization and infection rates of multidrug-resistant *Acinetobacter baumannii* in patients within the intensive care unit in a tertiary hospital. **Antimicrobial Resistance and Infection Control**, [s. l.], v. 10, n. 1, p. 4, 6 jan. 2021. DOI: 10.1186/s13756-020-00870-y.

LI, X.-Z. *et al.* β -Lactam resistance and β -lactamases in bacteria of animal origin. **Veterinary Microbiology**, [s. l.], v. 121, n. 3, p. 197–214, 15 abr. 2007. DOI: 10.1016/j.vetmic.2007.01.015. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S037811350700034X>. Acesso em: 12 mar. 2026.

LIMA, A. *et al.* Perfil microbiológico e de sensibilidade a antimicrobianos de uroculturas de cães e gatos. **Peer Review**, [s. l.], v. 6, p. 202–214, 27 mar. 2024. DOI: 10.53660/PRW-1985-3702.

LIU, H. Y.; PRENTICE, E. L.; WEBBER, M. A. Mechanisms of antimicrobial resistance in biofilms. **npj Antimicrobials and Resistance**, [s. l.], v. 2, p. 27, 1 out. 2024. DOI: 10.1038/s44259-024-00046-3. Disponível em: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC11445061/>. Acesso em: 27 fev. 2026.

LIU, G.; THOMSEN, L. E.; OLSEN, J. E. Antimicrobial-induced horizontal transfer of antimicrobial resistance genes in bacteria: a mini-review. **Journal of Antimicrobial Chemotherapy**, [s. l.], v. 77, n. 3, p. 556–567, 2 mar. 2022. DOI: 10.1093/jac/dkab450. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/jac/dkab450>. Acesso em: 27 fev. 2026.

MacFaddin, JF (2000) Testes Bioquímicos para Identificação de Bactérias de Uso Médico. 3ª Edição, Lippincott Williams & Wilkins, Filadélfia. - Referências - Publicações de Pesquisa Científica. [S. l.], [s. d.]. Disponível em: <https://www.scirp.org/reference/referencespapers?referenceid=1661468>. Acesso em: 15 mar. 2026.

MAGIORAKOS, A.-P. *et al.* Multidrug-resistant, extensively drug-resistant and pandrug-resistant bacteria: an international expert proposal for interim standard definitions for acquired resistance. **Clinical Microbiology and Infection: The Official Publication of the European Society of Clinical Microbiology and Infectious Diseases**, [s. l.], v. 18, n. 3, p. 268–281, mar. 2012. DOI: 10.1111/j.1469-0691.2011.03570.x.

MAILLARD, J.-Y. Resistance of Bacteria to Biocides. **Microbiology Spectrum**, [s. l.], v. 6, n. 2, abr. 2018. DOI: 10.1128/microbiolspec.ARBA-0006-2017.

MARTINS, I. J. *et al.* Multidrug-resistant *Escherichia coli* isolated from a dog with a history of urolithiasis: case report. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, [s. l.], v. 72, p. 931–935, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1590/1678-4162-11203>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/abmvz/a/KtWvDcf5xPsczmHKhGd3tdk/?format=html&lang=en>. Acesso em: 11 mar. 2026.

MCMEEKIN, C. H. *et al.* Antimicrobial resistance patterns of bacteria isolated from canine urinary samples submitted to a New Zealand veterinary diagnostic laboratory between 2005-2012. **New Zealand Veterinary Journal**, [s. l.], v. 65, n. 2, p. 99–104, mar. 2017. DOI: 10.1080/00480169.2016.1259594.

Medical Microbiology. [S. l.: s. n.], 29 abr. 2020. Disponível em: <https://shop.elsevier.com/books/medical-microbiology/murray/978-0-323-67322-8>. Acesso em: 15 mar. 2026.

MICHAELIS, C.; GROHMANN, E. Horizontal Gene Transfer of Antibiotic Resistance Genes in Biofilms. **Antibiotics**, [s. l.], v. 12, n. 2, p. 328, 4 fev. 2023. DOI: 10.3390/antibiotics12020328. Disponível em: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC9952180/>. Acesso em: 27 fev. 2026.

MUNTEAN, M. M. *et al.* Phenotypic and genotypic detection methods for antimicrobial resistance in ESKAPE pathogens (Review). **Experimental and Therapeutic Medicine**, [s. l.], v. 24, n. 2, p. 508, 9 jun. 2022. DOI: 10.3892/etm.2022.11435. Disponível em: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC9257796/>. Acesso em: 19 jan. 2026.

NADĂȘ, G. C. *et al.* Veterinary Clinics as Reservoirs for *Pseudomonas aeruginosa*: A Neglected Pathway in One Health Surveillance. **Antibiotics**, [s. l.], v. 14, n. 7, p. 720, 17 jul. 2025. DOI: 10.3390/antibiotics14070720. Disponível em: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC12291923/>. Acesso em: 22 jan. 2026.

PAGNOSSIN, D. *et al.* *Streptococcus canis*, o azarão do gênero. **Veterinary Microbiology**, [s. l.], v. 273, p. 109524, 1 out. 2022. DOI: 10.1016/j.vetmic.2022.109524. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0378113522001948>. Acesso em: 22 jan. 2026.

PALMA, E.; TILOCCA, B.; RONCADA, P. Antimicrobial Resistance in Veterinary Medicine: An Overview. **International Journal of Molecular Sciences**, [s. l.], v. 21, n. 6, p. 1914, 11 mar. 2020. DOI: 10.3390/ijms21061914. Disponível em: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC7139321/>. Acesso em: 12 mar. 2026.

RAJPUT, P.; NAHAR, K. S.; RAHMAN, K. M. Evaluation of Antibiotic Resistance Mechanisms in Gram-Positive Bacteria. **Antibiotics**, [s. l.], v. 13, n. 12, p. 1197, 8 dez. 2024. DOI: 10.3390/antibiotics13121197. Disponível em:

<https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC11672434/>. Acesso em: 27 fev. 2026.

REPIK, C. *et al.* A resistência antimicrobiana na produção animal: Alerta no contexto da saúde única. **Pubvet**, [s. l.], v. 16, n. 04, 22 abr. 2022. DOI: 10.31533/pubvet.v16n04a1084.1-6. Disponível em: <https://ojs.pubvet.com.br/index.php/revista/article/view/54>. Acesso em: 27 fev. 2026.

RIBEIRO, M. G. *et al.* Klebsiella-induced infections in domestic species: a case-series study in 697 animals (1997–2019). **Brazilian Journal of Microbiology**, [s. l.], v. 53, n. 1, p. 455–464, 11 jan. 2022. DOI: 10.1007/s42770-021-00667-0. Disponível em: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC8882559/>. Acesso em: 22 jan. 2026.

SCARPELLINI, R. *et al.* Active surveillance of antimicrobial resistance in companion animals: A pilot study in a Spanish Veterinary Teaching Hospital. **Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases**, [s. l.], v. 108, p. 102169, maio 2024. DOI: 10.1016/j.cimid.2024.102169.

SCARPELLINI, R. *et al.* Antimicrobial Resistance in Companion Animals: A 30-Month Analysis on Clinical Isolates from Urinary Tract Infections in a Veterinary Hospital. **Animals**, [s. l.], v. 15, n. 11, p. 1547, jan. 2025. DOI: 10.3390/ani15111547. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2076-2615/15/11/1547>. Acesso em: 27 fev. 2026.

SEBOLA, D. C. *et al.* Occurrence and characterization of ESKAPE organisms on the hands of veterinary students before patient contact at a veterinary academic hospital, South Africa. **BMC Veterinary Research**, [s. l.], v. 20, p. 475, 17 out. 2024. DOI: 10.1186/s12917-024-04322-2. Disponível em: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC11484101/>. Acesso em: 16 jan. 2026.

SILVA, N. Identification and antimicrobial susceptibility patterns of Staphylococcus spp. isolated from canine chronic otitis externa. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, [s. l.], v. 53, p. 559–563, 2001. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0102-09352001000200001>. Disponível em:

<https://www.scielo.br/j/abmvz/a/pnDBrWmVSzmdDQgkYFHsG4y/?format=html&lang=en>. Acesso em: 11 mar. 2026.

SOUZA, A. D. *et al.* Avaliação da concordância da dispensação de antimicrobianos em relação aos microrganismos isolados em culturas de um hospital no meio-oeste catarinense. **Revista Brasileira de Análises Clínicas**, [s. l.], v. 51, n. 4, 2020. DOI: 10.21877/2448-3877.201900874. Disponível em: <http://www.rbac.org.br/artigos/avaliacao-da-concordancia-da>

dispensacao-de-antimicrobianos-em-relacao-aos-microrganismos-isolados-em-culturas-de-um-hospital-no-meio-oeste-catarinense/. Acesso em: 8 ago. 2025.

TOUAITIA, R. *et al.* Staphylococcus aureus: A Review of the Pathogenesis and Virulence Mechanisms. **Antibiotics**, [s. l.], v. 14, n. 5, p. 470, maio 2025. DOI: 10.3390/antibiotics14050470. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2079-6382/14/5/470>. Acesso em: 11 mar. 2026.

VAN DER KOLK, J. H. *et al.* *Acinetobacter* na medicina veterinária, com ênfase em *Acinetobacter baumannii*. **Journal of Global Antimicrobial Resistance**, [s. l.], v. 16, p. 59–71, 1 mar. 2019. DOI: 10.1016/j.jgar.2018.08.011. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2213716518301589>. Acesso em: 12 mar. 2026.

VAN DUIJKEREN, E. *et al.* The use of aminoglycosides in animals within the EU: development of resistance in animals and possible impact on human and animal health: a review. **Journal of Antimicrobial Chemotherapy**, [s. l.], v. 74, n. 9, p. 2480–2496, 1 set. 2019. DOI: 10.1093/jac/dkz161. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/jac/dkz161>. Acesso em: 12 mar. 2026.

VESEL, N. *et al.* Naturally competent bacteria and their genetic parasites—a battle for control over horizontal gene transfer? **FEMS Microbiology Reviews**, [s. l.], v. 49, p. fuaf035, 13 ago. 2025. DOI: 10.1093/femsre/fuaf035. Disponível em: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC12378983/>. Acesso em: 27 fev. 2026.

WOOD, M. W. *et al.* Risk factors for enterococcal bacteriuria in dogs: A retrospective study. **Journal of Veterinary Internal Medicine**, [s. l.], v. 34, n. 6, p. 2447–2453, 2020. DOI: 10.1111/jvim.15916. Disponível em: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC7694861/>. Acesso em: 22 jan. 2026.

ZAHARI, N. I. N. *et al.* A Review of the Resistance Mechanisms for β -Lactams, Macrolides and Fluoroquinolones among *Streptococcus pneumoniae*. **Medicina**, [s. l.], v. 59, n. 11, p. 1927, 31 out. 2023. DOI: 10.3390/medicina59111927. Disponível em: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC10672801/>. Acesso em: 12 mar. 2026.

Quinn, P. J., Markey, B. K., Leonard, F. C., et al. (2011). **Veterinary Microbiology and Microbial Disease**. Wiley-Blackwell. Disponível em: https://cuvas.edu.pk/cuvas_libraries/ebooks/Veterinary%20Microbiology%20and%20Microbial%20Disease,%202nd%20Edition-1.pdf

Carter, G. R., & Wise, D. J. (2017). **Essentials of Veterinary Bacteriology and Mycology.** Wiley-Blackwell. Disponível em:
<https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC1680388/>