Universidade de São Paulo
Instituto de Física de São Carlos

XIV Semana Integrada do Instituto de Física de São Carlos

Livro de Resumos da Pós-Graduação

São Carlos
2024

Ficha catalográfica elaborada pelo Serviço de Informação do IFSC

Semana Integrada do Instituto de Física de São Carlos
(13: 21-25 ago.: 2023: São Carlos, SP.)
Livro de resumos da XIII Semana Integrada do Instituto de Física de São Carlos – Universidade de São Paulo / Organizado por Adonai Hilário da Silva [et al.]. São Carlos: IFSC, 2023.
358p.

Texto em português.
1.Física. I. Silva, Adonai Hilário da, org. II. Título.

ISSN: 2965-7679

157

Caracterização molecular e fenotípica de *Staphylococcus spp.* resistentes à meticilina isolados de cães, humanos e poeira doméstica

CAMARGO, Ilana Lopes Baratella da Cunha[1]; CAMPIONI, Fabio[1]; MANIERI, Fernanda Zani[1]; SOUZA, Luciana Roberta Torini de[1]

lucianatorini@usp.br

[1]Instituto de Física de São Carlos - USP

O gênero *Staphylococcus* compreende bactérias gram-positivas que fazem parte da microbiota de humanos e animais, é composto por mais de 80 espécies e subespécies. (1) Essas bactérias podem causar desde infecções simples até graves, e são transmitidas entre humanos e animais, tanto por contato direto quanto indireto, como através de poeira e aerossóis. (2) A transferência de genes de resistência entre espécies é um desafio, especialmente a resistência aos beta-lactâmicos, que inibem a síntese da parede celular bacteriana, levando à morte da célula. O gene *mecA* é um gene transportado por elementos móveis chamados *SCCmec*, que codifica a proteína PBP2a, com baixa afinidade por antibióticos beta-lactâmicos. (3) O presente estudo busca verificar a colonização por *Staphylococcus* resistentes à meticilina (MRS) em humanos e seus cães, e avaliar a disseminação desses microrganismos na poeira doméstica, além de verificar a resistência a outros antibióticos. Os voluntários foram divididos em 3 grupos, sendo: Grupo A - voluntários que não possuem cães (20); Grupo B - voluntários que possuem cães em sua residência (20) e Grupo C - voluntários que possuem cães em sua residência, em tratamento com antimicrobianos (20). Foram realizadas coletas de swab nasal humano e canino, fezes humana e canina, bem como, amostras de poeira de cada residência. Ao receber as amostras foi realizado testes fenotípicos como catalase, coagulase e coloração de Gram, a identificação e perfil de sensibilidade foram determinadas por automação pelo equipamento Phoenix M50 e complementarmente a concentração inibitória mínima (CIM) aos antimicrobianos, vancomicina e tigeciclina conforme norma da ISO 20776-1. A presença do gene mecA nos isolados foi verificada por PCR. Foram encontrados 72 isolados de *Staphylococcus* spp. coagulase negativa resistentes à meticilina em 37 das 56 residências analisadas até o momento. A detecção do gene *mecA* está em andamento e já foi confirmada em 57 isolados. Quarenta e seis de 72 (62,2%) isolados obtidos de Staphylococcus spp. estudados foram provenientes da poeira doméstica, apenas um de cão saudável, 12 de voluntários sem cães (grupo A), 6 de tutores de animais saudáveis (grupo B) e 7 de tutores de animais em tratamento com antibiótico (GRUPO C) de tutores. Uma diversidade de 14 espécies de *Staphylococcus* foi identificada sendo a mais prevalente *S. haemolyticus* (33,3%) seguido de *S. epidermidis* (30,5%). Exceto três isolados da espécie *Staphylococcus lentus* a CIM igual 512 mg/L, todas as demais bactérias deste estudo apresentaram CIM para vancominina menor que 4 mg/L categorizando-as como sensíveis segundo o BrCast. Todos os isolados apresentaram CIM de tigeciclina menor que 0,5 mg/L exceto um isolado de *Staphylococcus haemolyticus*, cuja concentração inibitória mínima foi de 1 mg/L. A transferência de MRS entre animais e humanos não pôde ser confirmada, já que apenas um isolado de origem canina foi encontrado. O estudo sugere que a poeira doméstica pode atuar como reservatório de *Staphylococcus* resistentes à meticilina portadores do gene *mecA*, mais pesquisas são necessárias para compreender a dinâmica de transmissão

157

Caracterização molecular e fenotípica de *Staphylococcus spp.* resistentes à meticilina isolados de cães, humanos e poeira doméstica

CAMARGO, Ilana Lopes Baratella da Cunha[1]; CAMPIONI, Fabio[1]; MANIERI, Fernanda Zani[1]; SOUZA, Luciana Roberta Torini de[1]

lucianatorini@usp.br

[1]Instituto de Física de São Carlos - USP

O gênero *Staphylococcus* compreende bactérias gram-positivas que fazem parte da microbiota de humanos e animais, é composto por mais de 80 espécies e subespécies. (1) Essas bactérias podem causar desde infecções simples até graves, e são transmitidas entre humanos e animais, tanto por contato direto quanto indireto, como através de poeira e aerossóis. (2) A transferência de genes de resistência entre espécies é um desafio, especialmente a resistência aos beta-lactâmicos, que inibem a síntese da parede celular bacteriana, levando à morte da célula. O gene *mecA* é um gene transportado por elementos móveis chamados *SCCmec*, que codifica a proteína PBP2a, com baixa afinidade por antibióticos beta-lactâmicos. (3) O presente estudo busca verificar a colonização por *Staphylococcus* resistentes à meticilina (MRS) em humanos e seus cães, e avaliar a disseminação desses microrganismos na poeira doméstica, além de verificar a resistência a outros antibióticos. Os voluntários foram divididos em 3 grupos, sendo: Grupo A - voluntários que não possuem cães (20); Grupo B - voluntários que possuem cães em sua residência (20) e Grupo C - voluntários que possuem cães em sua residência, em tratamento com antimicrobianos (20). Foram realizadas coletas de swab nasal humano e canino, fezes humana e canina, bem como, amostras de poeira de cada residência. Ao receber as amostras foi realizado testes fenotípicos como catalase, coagulase e coloração de Gram, a identificação e perfil de sensibilidade foram determinadas por automação pelo equipamento Phoenix M50 e complementarmente a concentração inibitória mínima (CIM) aos antimicrobianos, vancomicina e tigeciclina conforme norma da ISO 20776-1. A presença do gene mecA nos isolados foi verificada por PCR. Foram encontrados 72 isolados de *Staphylococcus* spp. coagulase negativa resistentes à meticilina em 37 das 56 residências analisadas até o momento. A detecção do gene *mecA* está em andamento e já foi confirmada em 57 isolados. Quarenta e seis de 72 (62,2%) isolados obtidos de Staphylococcus spp. estudados foram provenientes da poeira doméstica, apenas um de cão saudável, 12 de voluntários sem cães (grupo A), 6 de tutores de animais saudáveis (grupo B) e 7 de tutores de animais em tratamento com antibiótico (GRUPO C) de tutores. Uma diversidade de 14 espécies de *Staphylococcus* foi identificada sendo a mais prevalente *S. haemolyticus* (33,3%) seguido de *S. epidermidis* (30,5%). Exceto três isolados da espécie *Staphylococcus lentus* a CIM igual 512 mg/L, todas as demais bactérias deste estudo apresentaram CIM para vancominina menor que 4 mg/L categorizando-as como sensíveis segundo o BrCast. Todos os isolados apresentaram CIM de tigeciclina menor que 0,5 mg/L exceto um isolado de *Staphylococcus haemolyticus*, cuja concentração inibitória mínima foi de 1 mg/L. A transferência de MRS entre animais e humanos não pôde ser confirmada, já que apenas um isolado de origem canina foi encontrado. O estudo sugere que a poeira doméstica pode atuar como reservatório de *Staphylococcus* resistentes à meticilina portadores do gene *mecA*, mais pesquisas são necessárias para compreender a dinâmica de transmissão

entre humanos, animais e poeira.

Palavras-chave: Staphylococcus; mecA; Resistência.

Agência de fomento: Fapesp (2023/11688-5)

Referências:

1 SOMAYAJI, R. *et al*. Human infections due to *Staphylococcus pseudintermedius*, an emerging zoonosis of canine origin: report of 24 cases. **Diagnostic Microbiology and Infectious Disease**, v. 85, n. 4, p. 471–476, 2016.

2 WENDLANDT, S. *et al*. The diversity of antimicrobial resistance genes among staphylococci of animal origin. **International Journal of Medical Microbiology**, v. 303, n. 6–7, p. 338–349, 2013.

3 SCHWARZ, S. *et al*. Antimicrobial resistance among staphylococci of animal origin. **Microbiology Spectrum**, v. 6, n. 4, 2018.