

Resistência bacteriana a antimicrobianos sob a perspectiva One Health: uma revisão integrativa da literatura

Bacterial resistance to antimicrobials from a One Health perspective: an integrative literature review

Letícia Dickmann¹, Ana Paula Dalmagro²

RESUMO

A resistência bacteriana a antimicrobianos (RBA) representa um dos maiores desafios de saúde pública, dificultando o tratamento de infecções e aumentando a morbimortalidade mundial. Esse fenômeno decorre da adaptação das bactérias frente ao uso de antimicrobianos, enquanto o desenvolvimento de novos fármacos não acompanha a velocidade de surgimento de cepas resistentes. Nesse contexto, a perspectiva *One Health* tem ganhado destaque ao reconhecer a interconexão entre seres humanos, animais e meio ambiente. Esta revisão integrativa reuniu 12 artigos das bases PubMed, SciELO, ScienceDirect e Google Acadêmico, selecionados a partir dos descritores “resistência a antimicrobianos”, “Saúde Única”, “alimentos”, “água” e “meio ambiente”. Os estudos analisados, conduzidos em países como Brasil, Índia, África do Sul, China e Itália, evidenciaram a presença de bactérias patogênicas resistentes – sobretudo *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae* e *Aeromonas* spp. – em alimentos de origem animal, água e fezes humanas e animais. As classes de antimicrobianos com maior incidência de resistência foram β-lactâmicos, tetraciclinas, fluoroquinolonas e sulfonamidas. Os achados reforçam a relevância da abordagem *One Health* para compreender as vias de disseminação da RBA e subsidiar estratégias de monitoramento e controle, essenciais para mitigar seus impactos globais.

Palavras-chave: Resistência bacteriana. *One Health*. Alimentos. Água. Meio ambiente.

ABSTRACT

Antibiotic resistance (AR) represents one of the greatest public health challenges, hindering the treatment of infections and increasing global morbidity and mortality. This phenomenon arises from bacterial adaptation to antimicrobial use, while the development of new drugs fails to keep pace with the rapid emergence of resistant strains. In this context, the *One Health* perspective has gained prominence by recognizing the interconnection among humans, animals, and the environment. This integrative review compiled 12 articles from PubMed, SciELO, ScienceDirect, and Google Scholar, selected using the descriptors “antibiotic resistance,” “*One Health*,” “food,” “water,” and “environment.” The studies, conducted in countries such as Brazil, India, South Africa, China, and Italy, reported pathogenic resistant bacteria—mainly *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, and *Aeromonas* spp.—in animal-derived food, water, and human and animal fecal samples. The antibiotic classes most frequently associated with resistance were β-lactams, tetracyclines, fluoroquinolones, and sulfonamides. The findings highlight the importance of the *One Health* approach to understanding AR dissemination pathways and supporting monitoring and control strategies, which are essential to mitigating its global impact.

Keywords: Bacterial resistance. *One Health*. Food. Water. Environment.

¹ Biomédica, Departamento de Ciências Farmacêuticas – Universidade Regional de Blumenau. E-mail: ledickamnn@gmail.com. ORCID: 0009-0002-8788-5210.

² Docente do Departamento de Ciências Farmacêuticas – Universidade Regional de Blumenau. E-mail: anap.dalmagro@gmail.com. ORCID: 0000-0001-6969-7473.

1. INTRODUÇÃO

Bactérias representam a maior parte dos microrganismos e podem habitar diversos ambientes como ar, solo, plantas, água, alimentos, animais e humanos. Apresentam estrutura básica, composta principalmente pela parede celular, responsável pela proteção e suporte estrutural, e pela membrana plasmática, que separa o citoplasma do meio externo. A maioria das bactérias é benéfica ao ser humano, entretanto, muitas espécies são patogênicas e causam infecções com gravidade variável, a depender de fatores do hospedeiro e ambientais¹.

Diante da ameaça representada por essas infecções bacterianas, especialmente aquelas causadas por cepas patogênicas, uma revolução ocorreu na medicina: em 1942 foi introduzida uma substância produzida por microrganismos com potencial de impedir o crescimento ou destruir outros microrganismos: os antimicrobianos. Essa descoberta é considerada um dos maiores marcos da medicina no século XX, tendo contribuído significativamente para a redução da morbidade e mortalidade associadas às infecções bacterianas. Contudo, a observação de bactérias resistentes a esses compostos, aliada ao uso indiscriminado de antimicrobianos na medicina, pecuária e agricultura, resultou em sua ampla disseminação².

Esse fenômeno deu origem a um dos maiores desafios da saúde pública atual: a resistência bacteriana a antimicrobianos (RBA). Trata-se da capacidade de bactérias resistirem à ação inibitória ou letal de compostos antimicrobianos. A resistência pode ser intrínseca, que é característica natural de algumas espécies, ou adquirida, como frequentemente observado em ambientes clínicos³. A seleção e disseminação de bactérias resistentes são impulsionadas pelo uso excessivo de antimicrobianos, contaminação ambiental, falhas no controle de infecções e movimentação geográfica de hospedeiros humanos e animais⁴.

Como consequência, infecções outrora tratáveis se tornam difíceis ou mesmo impossíveis de controlar. O surgimento contínuo de mecanismos de resistência, a disseminação global de cepas multirresistentes e a escassez de novas opções terapêuticas tornam a RBA uma preocupação crescente para a saúde pública⁵. Estima-se que, em 2019, a RBA tenha sido associada a 4,95 milhões de mortes, sendo diretamente responsável por 1,27 milhões⁶. No aspecto econômico, o Banco Mundial projeta que a RBA pode gerar

gastos adicionais de até 1 trilhão de dólares em saúde até 2050 e perdas entre 1 a 3,4 trilhões de dólares no Produto Interno Bruto (PIB) global por ano até 2030⁷.

Diante dessa realidade, a abordagem *One Health* tem se destacado nos últimos anos como uma estratégia promissora. Essa abordagem reconhece a interdependência entre os sistemas de saúde humana, animal e ambiental, propondo soluções integradas e sustentáveis⁸. Fatores como crescimento populacional, intensificação da produção animal, mudanças climáticas e maior interação entre humanos e animais favorecem a disseminação de agentes infecciosos⁹. A importância da *One Health* tem sido reforçada em agendas internacionais, como os Objetivos de Desenvolvimento Sustentável (ODS) e a formação da *Quadrípartite One Health*, composta por OMS, FAO, WOAH e PNUMA¹⁰.

2. MATERIAIS E MÉTODOS

Esta pesquisa configura-se como uma revisão integrativa da literatura, uma metodologia que permite a síntese e a análise crítica do conhecimento disponível sobre um tema, de maneira sistemática e abrangente¹¹. A revisão integrativa é particularmente útil para a construção de conceitos teóricos e para a identificação de lacunas no conhecimento científico^{12,13}.

Para atender aos objetivos da pesquisa, foi elaborada a seguinte pergunta norteadora: "Como a perspectiva *One Health* influencia o desafio da resistência bacteriana a antimicrobianos?". A busca de artigos foi realizada nas bases de dados PubMed (US National Library of Medicine), Scientific Electronic Library Online (SciELO), ScienceDirect e Google Acadêmico, considerando publicações em língua portuguesa e inglesa. Utilizaram-se os Descritores em Ciências da Saúde (DeCS) "resistência a antimicrobianos", "Saúde Única", "alimentos", "água" e "meio ambiente", combinados pelo operador booleano AND ("e"). Foram incluídos artigos publicados no período de 2019 a 2024, de forma a garantir a atualização dos dados.

Os critérios de exclusão adotados foram: revisões sistemáticas, metanálises, literatura cinzenta (como teses, dissertações, anais de congresso e documentos institucionais) e artigos que não abordassem diretamente a questão de pesquisa. Os estudos selecionados foram organizados em um quadro contendo as seguintes informações: autor(es), ano de publicação e principais achados. Posteriormente, os resultados foram analisados de forma crítica e discutidos à luz da literatura pertinente¹³.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Um dos maiores desafios de saúde pública atualmente é a RBA, que tem limitado o tratamento de infecções bacterianas¹⁴. É um fenômeno crescente devido ao uso frequente e inadequado de antimicrobianos na medicina humana e veterinária e ao desenvolvimento constante de GRA¹⁵. A RBA é considerada um desafio *One Health*, já que se trata de um problema caracterizado por interações complexas relacionadas a várias populações bacterianas e que influenciam a saúde de humanos, animais e do meio ambiente⁴. Diante da crescente ameaça representada pela RBA, torna-se imprescindível o desenvolvimento de pesquisas que aprofundem a compreensão desse fenômeno e proponham estratégias eficazes de controle. Dessa forma e com a aplicação dos critérios de busca determinados na metodologia, foram selecionados 12 estudos para comporem essa revisão, estes organizados no quadro 1.

Quadro 1. Artigos selecionados para essa pesquisa e respectivos autores e ano de publicação

Autor(es) e ano de publicação	Principais achados
Donner <i>et al.</i> , 2022 ¹⁶	Este estudo investigou duas bacias hidrográficas de Nebraska, identificando 211 isolados bacterianos, dos quais 37 pertenciam a gêneros patogênicos. Constatou-se transferência generalizada de GRA, especialmente aos β -lactâmicos. Os GRA mais associados à transferência horizontal conferiam resistência a aminoglicosídeos, β -lactâmicos, quinolonas e fosfomicinas. Muitos apresentaram sequências semelhantes às encontradas em ambientes clínicos e animais.
Ramsamy <i>et al.</i> , 2022 ¹⁷	Os autores descreveram a epidemiologia molecular de Enterobactérias produtoras de carbapenemases (EPC) em um contexto <i>One Health</i> na África do Sul. Foram coletadas e cultivadas amostras de humanos, suínos e de água, das quais 3,2% produziram isolados resistentes a carbapenêmicos. Várias espécies possuíam genes codificadores de carbapenemases transportados por EGM. Onze isolados apresentaram ampla resistência e oito foram multirresistentes. Todos os isolados apresentaram resistência a amoxicilina, ertapenem, cefotaxima, cefuroxima e ceftazidima.
Rodrigues <i>et al.</i> , 2022 ¹⁸	Os pesquisadores buscaram definir um método de cultura ideal para a recuperação de <i>Klebsiella</i> spp. em fontes alimentares. Foi identificada uma alta prevalência de <i>Klebsiella pneumoniae</i> em carne de frango e saladas prontas para consumo, que evidenciou a participação dos alimentos na colonização e infecção humana por <i>K. pneumoniae</i> e representou uma questão importante na perspectiva <i>One Health</i> .
Brooks <i>et al.</i> , 2023 ¹⁹	Esse estudo realizou a caracterização de bactérias e GRA em amostras de solo, águas residuais, água de lagoa, fezes de animais e vegetais de Palapye, Botsuana, levando em conta a perspectiva <i>One Health</i> . Foram identificadas bactérias potencialmente patogênicas multirresistentes e grande diversidade de bactérias e GRA correspondentes a classes de antimicrobianos clinicamente relevantes (aminoglicosídeos, beta lactâmicos, fosfomicina, tetraciclina, sulfonamida, macrolídeos, trimetoprima, quinolonas e macrolídeos). Confirmou-se que os meios analisados representam alto risco de disseminação de RBA e que, portanto, a abordagem <i>One Health</i> se faz necessária na vigilância de RBA.
Qamar <i>et al.</i> , 2023 ²⁰	Os autores identificaram contaminação polimicrobiana em amostras de leite cru e carne bovina de uma cidade do Paquistão. As principais bactérias observadas foram <i>Escherichia coli</i> , <i>Salmonella</i> spp., <i>Staphylococcus aureus</i> e <i>K. pneumoniae</i> , a maior parte delas possuindo GRA para β lactamases de espectro estendido (ESBL),

	resistência a carbapenêmicos e à meticilina em <i>S. aureus</i> . 55% das amostras tiveram o limite máximo de resíduos para tetraciclina ultrapassado. É imprescindível que órgãos regulamentadores adotem medidas conforme a Comissão do Codex Alimentarius da FAO/OMS e que a abordagem <i>One Health</i> seja adaptada para agir contra o uso negligente de antimicrobianos, a resistência bacteriana e resíduos antimicrobianos em humanos, animais e no meio ambiente.
Rahman, Hollis, 2023 ²¹	Os autores realizaram uma análise da relação entre o uso de antimicrobianos e a resistência a eles em populações de humanos e animais produtores de alimentos (APA). Estimou-se que um aumento de 10% da utilização de antimicrobianos em animais pode aumentar a prevalência de resistência em animais em aproximadamente 2% e em humanos em 0,3%. Os resultados revelaram um efeito significativo do uso de antimicrobianos por humanos e APA nas taxas de resistência das duas populações e explicitaram a necessidade da implementação de condutas de monitoramento do uso de antimicrobianos e da RBA envolvendo <i>One Health</i> .
Shang <i>et al.</i> , 2023 ²²	Nesse estudo foram avaliadas as características de bactérias resistentes a medicamentos contaminantes em três tipos de carnes suínas. Os três tipos apresentaram contaminação por bactérias resistentes. Contudo, foi identificada mais contaminação em carne suína de criação intensiva do que em carne suína caipira e orgânica. Foi observada multirresistência nas bactérias contaminantes, com índices elevados de resistência a tetraciclinas, sulfonamidas e eritromicina. Os GRA predominantes foram os que codificam sulfonamidas e quinolonas. Os resultados ressaltaram a importância do rastreamento de fontes de contaminação sob a abordagem <i>One Health</i> .
Souza <i>et al.</i> , 2023 ²³	Esse estudo teve como objetivo analisar o perfil de suscetibilidade a antimicrobianos e os genes de resistência a tetraciclina e eritromicina de enterococos isolados de leite cru e queijos do Sul do Brasil. A espécie predominante nos isolados de ambas as amostras foi <i>Enterococcus faecalis</i> . As cepas identificadas não foram suscetíveis aos principais antimicrobianos utilizados no meio clínico e os isolados das amostras de leite apresentaram mais cepas multirresistentes que os isolados de queijos. A ocorrência de cepas resistentes e principalmente multirresistentes a antimicrobianos e de GRA representam um grave problema no âmbito <i>One Health</i> .
Macri <i>et al.</i> , 2024 ²⁴	Os autores analisaram o impacto das etapas de tratamento de uma estação de tratamento de águas residuais (ETAR) projetada para reuso de água na relação entre bactérias patogênicas e resistentes a antimicrobianos (BRA) e GRA. Os elementos de resistência a patógenos persistiram nas águas residuais após o tratamento, o que impacta diretamente a saúde pública, considerando que a RBA pode ser disseminada na cadeia alimentar. O estudo demonstrou a importância do monitoramento de ETARs na disseminação de RBA conforme a perspectiva <i>One Health</i> .
Mahindroo <i>et al.</i> , 2024 ²⁵	Esse estudo realizou amostragens simultâneas de humanos e animais no norte da Índia. Foram analisadas amostras de fezes de pacientes humanos com diarreia, amostras de carne e de fezes de APA. Foi identificada alta incidência de patógenos de origem alimentar com fenótipos multirresistente e ESBL em aves, gado e carne de varejo. Esses resultados evidenciaram a conexão entre a 35 contaminação de água e alimentos e a ocorrência de infecções humanas, que se relacionam ao conceito <i>One Health</i> .
Rawat <i>et al.</i> , 2024 ²⁶	Nesse estudo foi avaliado o perfil de RBA de 100 isolados de <i>E. coli</i> de carne de frango convencional e com rótulo “livre de antimicrobianos” de Delhi, na Índia. Não foi observada diferença significativa entre os perfis dos dois tipos de amostras analisados. Houve uma prevalência significativa de resistência em <i>E. coli</i> de carne de frango “livre de antimicrobianos”, 92% dos isolados de carne de frango “livre de antimicrobianos” apresentaram multirresistência e 48% foram resistentes a mais de seis classes de antimicrobianos. Foi identificada nos isolados de <i>E. coli</i> de frango “livre de antimicrobianos” resistência a tetraciclina, imipenem e ciprofloxacino. Foram observados GRA associados a EGM, o que indica a possibilidade de transferência horizontal de resistência. Concluiu-se que o consumo de carne de frango “livre de antimicrobianos” no norte da Índia pode não diminuir significativamente a exposição a bactérias resistentes a antimicrobianos.
Zalewska <i>et al.</i> , 2024 ²⁷	Foram analisadas cepas de <i>E. coli</i> isoladas de fezes de gado leiteiro, com avaliação da suscetibilidade antimicrobiana e dos perfis plasmidiais. Duas cepas multirresistentes foram submetidas a sequenciamento genômico completo, revelando resistência a

aminoglicosídeos, trimetoprima, β -lactâmicos, tetraciclínas e fluoroquinolonas. Foram identificados genes de GRA e EGM, inclusive genes associados à transferência horizontal. Os plasmídeos IncY encontrados indicam alto potencial de disseminação entre enterobactérias.

GRA - genes de resistência a antimicrobianos; RBA - resistência bacteriana a antimicrobianos; EPC - Enterobactérias produtora de carbapenemases; EGM - elementos genéticos móveis; ESBL - β -lactamases de espectro estendido; APA - animais produtores de alimentos; ETAR - estação de tratamento de águas residuais; BRA – bactérias patogênicas e resistentes a antimicrobianos.

Fonte: dados da pesquisa (2025).

Donner *et al.*¹⁶ buscaram analisar a ligação entre a ocorrência de antimicrobianos utilizados na medicina humana e veterinária e a prevalência de GRA sob a abordagem *One Health*. Para tanto, avaliaram a concentração de antimicrobianos e perfis de resistência a antimicrobianos de bactérias Gram-negativas de duas bacias hidrográficas influenciadas pelo escoamento agrícola e por efluentes de águas residuais em Nebraska. Foram identificados seis antimicrobianos de importância clínica: trimetoprima, sulfametoazol, tetraciclina, fluoroquinolonas, sulfadiazina e eritromicina, com concentrações de 0,2 a 345,0 ng POCIS⁻¹ (Polar Organic Chemical Integrative Sampler). Os GRA associados à transferência horizontal de genes mais predominantes foram os genes que conferem resistência a aminoglicosídeos, β -lactâmicos, quinolonas e fosfomicinas. Foram identificados 211 isolados bacterianos, destes, 37 de gêneros patogênicos. Entre os isolados de bactérias patogênicas, foi constatada transferência generalizada de GRA β -lactâmicos. Vários dos GRA apresentaram sequências similares aos de ambientes clínicos e animais. O sequenciamento de genoma completo das bactérias patogênicas indicou transferência horizontal de GRA entre os isolados de bacias hidrográficas e bactérias de origem humana e animal. Observou-se ainda predominância do gênero *Aeromonas* spp., que representou um indicador da transferência de GRA dentro de bacias hidrográficas e de um reservatório aquático crescente de GRA que podem ser transferidos para outros patógenos humanos e animais. Os resultados comprovaram a relação entre antimicrobianos e GRA do ambiente e os possíveis impactos à saúde humana e evidenciaram a importância da abordagem *One Health* na avaliação da disseminação de RBA.

No estudo de Ramsamy *et al.*¹⁷, foi investigada a disseminação de enterobactérias produtoras de carbapenemase (EPC) em humanos, suínos, amostras ambientais e em uma ETAR na África do Sul. Foram identificadas cepas resistentes a carbapenêmicos em 3,2% das amostras, sendo mais frequentes em amostras ambientais do que humanas, e ausentes nas de suínos. *Klebsiella pneumoniae* foi a espécie mais comum entre as

resistentes, seguida por *Enterobacter hormaechei*. A maioria dos isolados apresentava genes codificadores de carbapenemase e elementos genéticos móveis, com perfis de multirresistência e resistência estendida a medicamentos. A pesquisa, fundamentada na abordagem *One Health*, contribuiu para mapear possíveis rotas de transmissão e reservatórios de genes de resistência, embora as conclusões devam ser interpretadas com cautela devido ao número limitado de isolados.

Já Rodrigues *et al.*¹⁸ realizaram um estudo multicêntrico a fim de propor um protocolo de cultura padronizado para a recuperação de *K. pneumoniae* a partir de fontes alimentares e para caracterizar fenotipicamente e genotipicamente os isolados alimentares. Foram coletadas amostras de carne de frango e de saladas prontas para consumo de cinco países europeus e utilizados métodos de cultura e PCR quantitativa da região intergênica *zur-khe*. Foi desenvolvido um protocolo de cultura baseado em SCAI (*Simmons Citrate Agar with Inositol*), com potencial de maior aplicação futura para comparação global da prevalência de *K. pneumoniae* nessas fontes. Foi observada elevada prevalência de *K. pneumoniae* em ambos os tipos de amostras, além de alta diversidade genética. Foram detectados genótipos idênticos nas amostras, o que indicou taxas elevadas de transmissão de *K. pneumoniae* no setor alimentício. Apesar de se tratar de uma pesquisa amostral pequena, esse trabalho apresentou uma nova estratégia de isolamento de *K. pneumoniae* de matrizes alimentares e permitiu a compreensão do quanto a contaminação de alimentos por essa espécie pode favorecer infecções em humanos, o que representa uma questão prioritária para futuros estudos alinhados à abordagem *One Health*.

Em seu trabalho, Brooks *et al.*¹⁹ analisaram amostras de solo, fezes de animais, água de lagoa, águas residuais e vegetais de uma comunidade rural e do meio ambiente de Palapye, Botsuana, considerando a abordagem *One Health*. O estudo buscou caracterizar as bactérias e GRA presentes nessas amostras através de cultura e sequenciamento de nova geração. Foram detectadas bactérias potencialmente patogênicas com perfis de multirresistência a antimicrobianos e diversas comunidades bacterianas e GRA associados a classes de antimicrobianos clinicamente relevantes (aminoglicosídeos, β -lactâmicos, fosfomicina, tetraciclina, sulfonamida, macrolídeos, trimetoprima, quinolonas e macrolídeos). Na água de lagoa de uma comunidade rural foi observada alta diversidade de genes codificadores de β -lactamase e nas amostras de comunidade e do meio ambiente, o filo predominante foi *Gammaproteobacteria*. Constatou-se que há um risco significativo de disseminação de RBA através do solo, de águas residuais de efluentes, de água de

lagoa e de fezes de APA, o que torna a abordagem *One Health* essencial no monitoramento e vigilância de RBA. Esse trabalho evidenciou o sequenciamento de nova geração como uma ferramenta com potencial a ser aplicada em países de baixa e média renda na vigilância de RBA. Os resultados dessa pesquisa podem ainda auxiliar programas de gestão de antimicrobianos e a implementação do Plano de Ação Nacional acerca de RBA.

O trabalho de Qamar *et al.*²⁰ objetivou encontrar resíduos de antimicrobianos e de RBA em amostras de alimentos de origem animal da cidade de Faisalabad, no Paquistão. Foi identificada contaminação polimicrobiana nas amostras, predominantemente por *E. coli*, *K. pneumoniae*, *Salmonella* spp. e *S. aureus*. A maior parte das bactérias identificadas continha GRA para ESBL, carbapenêmicos e tetraciclina. Segundo a União Europeia, os resíduos de tetraciclina em alimentos não devem ultrapassar 100 g de tetraciclina por kg. Nesse estudo, 55% das amostras de carne bovina e de leite apresentaram resíduos de tetraciclina acima do limite máximo. As limitações do estudo envolvem a incapacidade de detecção de todos os GRA e limites máximos de resistência para outros resíduos de antimicrobianos. Esses resultados expõem a necessidade da adoção de medidas por órgãos reguladores que sigam as instruções da comissão do *Codex Alimentarius* da OMS/*Food and Agriculture Organization of the United Nations* (FAO). Além disso, a importância da adaptação da abordagem *One Health* para combater resíduos de antimicrobianos e RBA no ecossistema.

Em seu estudo, Rahman e Hollis²¹ realizaram uma análise da relação entre o uso de antimicrobianos e a prevalência de RBA em humanos e APA. Foram utilizados dados de relatórios anuais de vigilância sobre resistência e uso de antimicrobianos na Europa para determinação de um limite inferior e um superior sobre os efeitos da resistência. No limite inferior, foi estimado que um aumento do uso de antimicrobianos em animais de 10% aumenta a prevalência de RBA em 2% em animais e de 0,3% em humanos. O uso imprudente de antimicrobianos entre ambientes clínicos e agrícolas facilita o surgimento de bactérias resistentes e tende a aumentar. O estudo é limitado, por não apontar mecanismos claros do efeito do uso de antimicrobianos na RBA, considerando os diversos fatores envolvidos. Os autores sugerem como medida imediata a ser implementada o incentivo ao uso criterioso de antimicrobianos, além de alternativas como o uso de mecanismos financeiros como o piloto de assinatura de antimicrobianos e o estímulo a medidas de higiene e vacinação entre agricultores e prestadores de serviços de saúde. Isso deixa claro a urgência de uma abordagem interdisciplinar, que reconheça a conexão entre humanos,

animais e meio ambiente e envolva essas partes.

Shang *et al.*²² analisaram a contaminação de bactérias resistentes a antimicrobianos em amostras de três tipos de carne suína em Pequim e Shanxi, na China. Os principais gêneros identificados em isolados de carne suína orgânica foram *Macrococcus* spp., *Enterococcus* spp. e *Staphylococcus* spp.; em carne suína de criação intensiva *Macrococcus* spp., *Providencia* spp., *Citrobacter* spp. e *Staphylococcus* spp.; e em carne suína caipira, *Macrococcus* spp., *Serratia* spp. e *Staphylococcus* spp. Foram identificadas sete cepas resistentes a antimicrobianos nos três tipos de amostras de carne. As amostras de carne suína de criação intensiva tiveram quantidade total de colônias de cepas resistentes maior em relação às amostras de carne suína orgânica e caipira. Os isolados bacterianos desses tipos de carne suína tiveram taxas de resistência a múltiplos medicamentos de 91,88%, 85,27% e 73,11%, respectivamente. As bactérias multirresistentes foram em sua maior parte não suscetíveis a sulfametoxazol, eritromicina e tetraciclina. Os GRA predominantes foram os que codificam sulfonamidas e quinolonas. Os autores concluíram que esses resultados podem servir como base para reforçar o princípio de *One Health* e que é urgente diminuir a disseminação de bactérias contaminantes em humanos, animais e no meio ambiente. Acrescentaram que há necessidade de estudos aprofundados sobre a prevalência de bactérias resistentes a antimicrobianos em carne suína e que o estudo é limitado já que as principais formas de transmissão de bactérias resistentes não foram exploradas. Citaram como mecanismos de monitoramento e controle de bactérias multirresistentes a medicamentos a serem adotados: a redução do uso e a promoção de alternativas a antimicrobianos; a aplicação de processos adequados de abate e descontaminação dos matadouros; o fortalecimento de inspeções e monitoramentos de produtos pecuários e o estabelecimento e desenvolvimento de padrões de qualidade e segurança desses setores.

Na pesquisa de Souza *et al.*²³ foi analisado o perfil de suscetibilidade antimicrobiana e detectada a presença de genes de resistência à eritromicina e à tetraciclina em espécies de *Enterococcus* spp. isoladas de leite e queijos de ovelha crus da região Sul do Brasil. A espécie predominante nos isolados foi *Enterococcus faecalis*, seguida por *E. faecium*, *E. hirae*, *E. durans*, *E. gallinarum*. *E. faecalis*, *E. faecium* e *E. hirae* compõe a microbiota gastrointestinal de ovelhas, o que sugere contaminação fecal no leite durante a ordenha ou contato com os animais. Dentre as 74 cepas avaliadas, 65 não foram suscetíveis a ao menos um antimicrobiano analisado e a frequência de cepas multirresistentes foi maior nos

isolados de leite do que nos de queijo. As cepas isoladas de leite cru não foram suscetíveis à tetraciclina, rifampicina, eritromicina, aminoglicosídeos, nitrofurantoína, quinolonas e cloranfenicol; as cepas isoladas de amostras de queijo apresentaram resistência a eritromicina, quinolonas, nitrofurantoína, rifampicina e tetraciclina. Os autores acrescentam que cepas com perfis de resistência semelhantes foram identificadas em outros estudos e sugerem que isso possa estar relacionado ao uso abrangente desses medicamentos na medicina veterinária, à possibilidade de desenvolvimento de biofilmes nos equipamentos de ordenha e à resistência ambiental. Sugerem que a resistência de enterococos a tetraciclinas e eritromicina possa estar associada a transposons conjugativos, fato importante considerando que estes podem transmitir GRA. Afirmam ainda que há necessidade de mais estudos acerca da origem, surgimento e disseminação de enterococos resistentes em amostras de ovinos.

Em 2024, Macrì *et al.*²⁴ buscaram avaliar a prevalência de BRA, bactérias potencialmente patogênicas e GRA em uma ETAR desenvolvida para reuso de efluentes. Foram coletadas amostras de diferentes etapas de uma ETAR no nordeste da Itália, da qual as águas residuais são utilizadas para irrigação na agricultura. Apesar da concentração de BRA, GRA e bactérias patogênicas ter estado significativamente reduzida no efluente final da ETAR, esses contaminantes ainda foram identificados nas águas residuais direcionadas ao reuso. As BRA predominantes foram as bactérias resistentes ao sulfametoxazol e o GRA mais prevalente foi o *gene sul II*. As principais bactérias patogênicas identificadas foram *Arcobacter* spp., *Flavobacterium* spp. e *Aeromonas* spp. Os resultados indicaram que as águas residuais são fontes de BRA, que podem ser disseminadas por irrigação para o meio ambiente e possivelmente atingirem humanos. Além disso, o entendimento da dinâmica de BRA dentro de ETARs é essencial para a determinação de regulamentações e de estratégias de monitoramento de RBA no ambiente conforme a abordagem *One Health*. É imprescindível que mais pesquisas sobre RBA em ETARs sejam realizadas, considerando que o reuso de águas residuais é uma estratégia importante e sustentável para combater escassez de água.

Mahindroo *et al.*²⁵ analisaram simultaneamente a prevalência e os padrões de resistência a antimicrobianos de quatro bactérias patogênicas em humanos e animais de uma área do norte da Índia: *Campylobacter* spp., *E. coli* enterotoxigênica (ETEC), *E. coli* enteropatogênica (EPEC) e *E. coli* enteroaggregativa (EAEC). O estudo foi direcionado a *Campylobacter* spp. e *E. coli* diarreogênica como microrganismos transmitidos por

alimentos, por representarem uma causa significativa de hospitalizações, sendo os diferentes patótipos de *E. coli* os principais responsáveis por diarreia aguda em crianças na Índia. Foram coletadas amostras de fezes humanas de casos de gastroenterite aguda, amostras de carne e de fezes de APA de matadouros, lojas de varejo e de fazendas. As amostras de animais apresentaram uma alta carga de patógenos de origem alimentar. As amostras de carne representaram uma fonte importante de EPEC, sugerindo contaminação cruzada de carne com fezes de animais. Foram observados altos níveis de resistência a fluoroquinolonas, cefalosporinas de terceira geração, aminoglicosídeos e tetraciclínas em amostras de humanos e de animais. Mais isolados de animais apresentaram produção de ESBL em comparação aos isolados de humanos. Os autores citam *One Health* ao sugerirem que a disseminação de bactérias no ambiente esteja relacionada à contaminação de água e alimentos e às infecções em humanos. Ressaltam a falta de diretrizes na Índia sobre o uso de antimicrobianos em APA e a falta de conhecimento acerca dos padrões de RBA em APA e da taxa de transmissão de RBA de animais para humanos. Enfatizam a importância de vigilância de RBA e de uso de antimicrobianos visando ampliar a conscientização entre profissionais da área e produtores rurais e o fortalecimento de autoridades reguladoras de medicamentos no setor animal.

Rawat *et al.*²⁶ analisaram amostras de carne de frango convencionais e rotuladas como “livres de antimicrobianos” na Índia e identificaram *Escherichia coli* em todas elas. A resistência aos 15 antimicrobianos testados foi alta e semelhante entre os dois grupos, com 92% dos isolados sendo multirresistentes. A ausência de uma definição oficial para carnes “livres de antimicrobianos” na Índia, além de práticas como uso de antibióticos in-ovo, abate conjunto com aves convencionais e transmissão vertical de bactérias resistentes, foram apontadas como possíveis causas. A resistência foi especialmente alta à tetraciclina, ciprofloxacino e imipenem. Apesar das limitações metodológicas, os autores reforçam a necessidade urgente de um sistema de vigilância robusto, destacando a importância do estudo para prever a resistência antimicrobiana em bactérias transmitidas por alimentos.

O último trabalho analisado foi o de Zalewska *et al.*²⁷, no qual foram analisadas cepas de *E. coli* extraídas de fezes de gado leiteiro. Foram testados a suscetibilidade antimicrobiana e os perfis plasmidiais das cepas e as mais comuns foram selecionadas para sequenciamento. Foi realizado o sequenciamento do genoma completo de duas cepas multirresistentes. Identificou-se resistência a aminoglicosídeos, trimetoprima, β-lactâmicos, tetraciclínas e fluoroquinolonas. Foram identificados GRA em vários EGM e genes que

facilitam a transferência conjugativa ou permitem a transferência horizontal de genes. Os plasmídeos de resistência identificados foram classificados no grupo de incompatibilidade IncY, sugerindo elevada possibilidade de disseminação entre enterobactérias. Plasmídeos semelhantes foram detectados em amostras clínicas e ambientais, mas nenhum em APA. Esses resultados são importantes na abordagem *One Health*, já que evidenciam o potencial de transmissão de *E. coli* resistente a antimicrobianos de gado a fontes de alimentos para humanos e vice-versa, além de enfatizarem a importância de estratégias contra a disseminação de RBA. Na maior parte dos estudos analisados foram identificadas bactérias patogênicas, resistentes a antimicrobianos de importância clínica, multirresistentes e GRA, o que demonstra o quanto a RBA está presente em várias esferas do ecossistema: nos seres humanos, nos APA, em alimentos de origem animal, de origem vegetal, no solo, em águas de lagoas e águas residuais.

Os trabalhos analisados foram realizados em países e continentes diferentes, o que mostra que a RBA é uma questão mundial e frequente em localidades com características distintas. Todos os estudos foram baseados na abordagem *One Health* e comprovaram, através de seus resultados, a conexão existente entre humanos, animais e o meio ambiente, especificamente em relação à RBA. Apesar de muitos dos trabalhos possuírem lacunas e sugerirem mais pesquisas, os resultados contribuíram significativamente para a compreensão das formas de disseminação de RBA e para o desenvolvimento de iniciativas de combate a esse problema tão urgente.

4. CONSIDERAÇÕES FINAIS

Diante da ameaça crescente da resistência bacteriana a antibióticos, a abordagem *One Health* emerge como estratégia essencial por integrar saúde humana, animal e ambiental. Essa perspectiva permite compreender os múltiplos caminhos de disseminação de bactérias resistentes e fundamenta políticas públicas mais eficazes e sustentáveis. Apesar das limitações metodológicas observadas nos estudos analisados, como amostras reduzidas, restrições geográficas e diversidade de métodos, os resultados confirmaram a forte relação entre a RBA e o conceito *One Health*. A presença de genes de resistência, elementos genéticos móveis e evidências de transferência horizontal reforçam o risco de disseminação por meio de alimentos, água e animais produtores. Foram identificadas *Klebsiella pneumoniae* resistentes a carbapenêmicos e cefalosporinas na África do Sul e Paquistão, *Escherichia coli* multirresistente na Índia e Paquistão, e *Aeromonas spp.*

resistentes a sulfonamidas nos Estados Unidos e Itália — indicando um panorama preocupante e global. Como medidas de controle, destacam-se a necessidade de padrões sanitários em alimentos, vigilância integrada e gestão racional de antimicrobianos. Embora o tema esteja ganhando espaço na literatura, a resistência bacteriana sob a ótica *One Health* ainda é subexplorada em diversas regiões, especialmente por instituições reguladoras.

REFERÊNCIAS

- 1 Soni J, Sinha S, Pandey R. Understanding bacterial pathogenicity: a closer look at the journey of harmful microbes. *Front Microbiol.* 2024;15:1370818.
- 2 Baran A, Kwiatkowska A, Potocki L. Antibiotics and bacterial resistance—a short story of an endless arms race. *Int J Mol Sci.* 2023;24(6):5777.
- 3 Munita JM, Arias CA. Mechanisms of antibiotic resistance. *Microbiol Spectr.* 2016;4(2):481–511.
- 4 McEwen SA, Collignon PJ. Antimicrobial resistance: a One Health perspective. *Microbiol Spectr.* 2018;6(2):521–47.
- 5 Nwobodo DC, Ugwu MC, Afolabi RO, Okoye CO, Olayemi GO, Ejikeugwu PC, et al. Antibiotic resistance: the challenges and some emerging strategies for tackling a global menace. *J Clin Lab Anal.* 2022;36(9):e24655.
- 6 Murray CJL, Ikuta KS, Sharara F, Swetschinski L, Aguilar GR, Gray A, et al. Global burden of bacterial antimicrobial resistance in 2019: a systematic analysis. *Lancet.* 2022;399(10325):629–55.
- 7 World Bank. Drug-resistant infections: a threat to our economic future. Washington, DC: World Bank; 2017. Available from: <https://documents.worldbank.org/en/publication/documents-reports/documentdetail/323311493396993758>
- 8 Bertram MG, Costello DM, Handy RD, Owen SF, Weidenhamer JD. One Health. *Curr Biol.* 2024;34(11):R517–9.
- 9 Centers for Disease Control and Prevention. About One Health. Available from: <https://www.cdc.gov/one-health/about/index.html>
- 10 Pitt SJ, Gunn A. The One Health concept. *Br J Biomed Sci.* 2024;81:12366.
- 11 Souza MT, Silva MD, Carvalho R. Revisão integrativa: o que é e como fazer. *Einstein (São Paulo).* 2010;8(1):102–6.
- 12 Torraco RJ. Writing integrative literature reviews: guidelines and examples. *Hum Resour Dev Rev.* 2005;4(3):356–67.

-
- 13 Dalmagro AP, Montibeler AB, Andrade MA. Psilocibina no Manejo da Depressão e Ansiedade: Revisão de Evidências Científicas. Amazônia: Sci Health. 2025;13(1).
- 14 Prestinaci F, Pezzotti P, Pantosti A. Antimicrobial resistance: a global multifaceted phenomenon. Pathog Glob Health. 2015;109(7):309–18.
- 15 Aslam B, Khurshid M, Arshad MI, Muzammil S, Rasool MH, Yasmeen H, et al. Antibiotic resistance: one health one world outlook. Front Cell Infect Microbiol. 2021;11:771510.
- 16 Donner L, Scaria J, Stroschein L, Tonks T, Mackie T, Zeman DH, et al. The human health implications of antibiotic resistance in environmental isolates from two Nebraska watersheds. Microbiol Spectr. 2022;10(2):e02082-21.
- 17 Ramsamy Y, Essack SY, Sartorius B, Mlisana KP. Mobile genetic elements-mediated Enterobacterales-associated carbapenemase antibiotic resistance genes propagation between the environment and humans: a One Health South African study. Sci Total Environ. 2022;806:150641.
- 18 Rodrigues C, Passet V, Rakotondrasoa A, Brisse S. High prevalence of *Klebsiella pneumoniae* in European food products: a multicentric study comparing culture and molecular detection methods. Microbiol Spectr. 2022;10(1):e02376-21.
- 19 Brooks K, Ramotshwane S, Magetse T, Ramoroka M, Mogotsi I, Mbongwe P, et al. Analysis of antibiotic resistance from a rural community and wastewater contaminated environment linked to human and animal activities. J Hazard Mater Adv. 2023;9:100232.
- 20 Qamar MU, Rehman A, Nawaz A, Khan A, Durrani A, Rehman T, et al. Antibiotic-resistant bacteria, antimicrobial resistance genes, and antibiotic residue in food from animal sources: One Health food safety concern. Microorganisms. 2023;11(1):161.
- 21 Rahman S, Hollis A. The effect of antibiotic usage on resistance in humans and food-producing animals: a longitudinal, One Health analysis using European data. Front Public Health. 2023;11:1170426.
- 22 Shang Y, Sun Z, Yang H, Wang Y, Wang X. Analysis of contamination with drug-resistant bacteria among three types of commercially available pork in Beijing and Shanxi, China. LWT. 2023;187:115272.
- 23 Souza DB, Moreira CS, Silveira FN, Cassoli LD, Silveira E. Resistant enterococci isolated from raw sheep's milk and cheeses from South region of Brazil. Cienc Rural. 2023;53(10):e20220288.
- 24 Macrì M, Rampazzo G, Cavinato C, Anselmi L, Battistel M, Fattoruso G, et al. Antibiotic resistance and pathogen spreading in a wastewater treatment plant designed for wastewater reuse. Environ Pollut. 2024;363:125051.

25 Mahindroo J, Taneja N, Rajagopal R, Bansal N, Mathur P. Antimicrobial resistance in food-borne pathogens at the human-animal interface: results from a large surveillance study in India. *One Health*. 2024;18:100677.

26 Rawat N, Singh A, Sharma P, Khare A, Rana S, Singh R, *et al.* Assessment of antibiotic resistance in chicken meat labelled as antibiotic-free: a focus on *Escherichia coli* and horizontally transmissible antibiotic resistance genes. *LWT*. 2024;194:115751.

27 Zalewska M, Wasyl D, Zająć M, Słodownik M, Ziętek-Barszcz A, Hoszowski A. A newly identified IncY plasmid from multi-drug-resistant *Escherichia coli* isolated from dairy cattle feces in Poland. *Microbiol Spectr*. 2024;12(8):e00877-24.