



***STAPHYLOCOCCUS NÃO AUREUS* EM ESPÉCIES DA ORDEM TESTUDINES**

EDUARDA BEATRIZ RODRIGUES BARBOSA; DENNY PARENTE DE SÁ BARRETO
MAIA LEITE; RAFAELA SILVA SANTOS; TAOANA PERRELLI SARMENTO;
RINALDO APARECIDO MOTA

RESUMO

Durante anos, as espécies do gênero *Staphylococcus* foram objeto de estudo intensivo em seres humanos e animais domésticos. Contudo, estudos envolvendo animais selvagens são escassos. Há registros da presença e da resistência a antimicrobianos de estafilococos provenientes de diversos mamíferos silvestres, aves e inclusive anfíbios. Contudo, os trabalhos relacionados a estafilococos em répteis são limitados. Desse modo, buscou-se isolar *Staphylococcus* spp. em répteis provenientes do Centro de Triagem e Reabilitação de Animais Silvestres de Pernambuco, CETRAS - Tangara. Foram coletadas amostras da orofaringe e da cloaca de répteis pertencentes à ordem Testudines, sendo três animais da família Cheloniidae (espécie *Phrynops geoffroanus*) e 67 da família Testudinidae (espécie *Chelonoidis carbonaria*). As amostras foram encaminhadas e processadas no Laboratório de Diagnóstico de Doenças Infectocontagiosas (LDIC) da Universidade Federal Rural de Pernambuco. Foram incubadas em uma estufa bacteriológica a 37°C, durante 24h e, transcorrido o período, foi utilizando o meio Ágar Sal Manitol para plaqueamento. Foram avaliados o crescimento microbiológico em placas e submetidos à coloração de Gram para determinar as características morfológicas. Foram identificadas 123 colônias sugestivas do gênero *Staphylococcus*. Deste total, 3,25% (4/123) foram isoladas de *P. geoffroanus* (Cágado-de-barbicha), enquanto o restante de 96,75% (119/123) foi obtido de *C. carbonária* (Jabuti-piranga). Entre as amostras, duas colônias foram recuperadas da orofaringe e duas da região cloacal de *P. geoffroanus*, enquanto 87 foram provenientes da orofaringe e 32 da cloaca da espécie *C. carbonária*. Em conclusão, a presente pesquisa sugere que répteis pertencentes à ordem Testudines são principalmente colonizadas por *Staphylococcus* não *aureus*.

Palavras-chave: Répteis; Saúde Única; Microbioma; Bacteriologia; Microbiologia.

1 INTRODUÇÃO

A resistência antimicrobiana (RAM) é um fenômeno em que microrganismos se adaptam aos medicamentos, tornando-os menos eficazes. Este problema, que afeta tanto a medicina humana quanto a veterinária, tem se agravado globalmente, com implicações significativas para a saúde pública. Os agentes patogênicos resistem mesmo na presença de tratamentos farmacológicos, levando a internações mais longas, complicações médicas, recuperação atrasada e a necessidade de medicamentos mais fortes e caros (LIN *et al.*, 2015; MOREL *et al.*, 2020; PALMA *et al.*, 2020). A RAM é um processo natural, resultante da evolução e adaptação dos microrganismos, que é exacerbado pelo uso excessivo e inadequado de medicamentos na saúde humana, veterinária e na agricultura (HWANG; GUMS, 2016; MOREHEAD; SCARBROUGH, 2018).

Dentre os microrganismos resistentes, o *Staphylococcus aureus* resistente à meticilina (MRSA) é notório, demandando medidas preventivas e novas abordagens terapêuticas

(LAKHUNDI; ZHANG, 2018). Os estafilococos são microrganismos onipresentes que prosperam em uma variedade de ambientes, colonizando diversos habitats na biosfera (GÓMEZ-SANZ *et al.*, 2019). O gênero *Staphylococcus* comumente era dividido em dois grupos principais com base na capacidade de coagulação do plasma: *Staphylococcus* coagulase positiva e *Staphylococcus* coagulase negativa (DUQUENNE *et al.*, 2016). No entanto, devido à presença de cepas coagulase variáveis, uma nova classificação surgiu, dividindo o gênero em *Staphylococcus aureus* e *Staphylococcus* não *aureus* (SNA) (CONDAS, 2016). O grupo SNA abrange outras espécies do gênero associadas a infecções animais domésticos e silvestres, em seres humanos e de papel fundamental na disseminação de resistência antimicrobiana devido ao transporte de genes de resistência (WUYTACK *et al.*, 2020; LIENEN *et al.*, 2021).

Essas bactérias são encontradas comumente nas narinas e na pele de humanos e animais vertebrados, onde podem atuar como agentes oportunistas causando variadas condições clínicas, incluindo infecções de pele, tecidos moles, ossos, articulações, sistemas respiratório e urinário (TONG *et al.*, 2015; KASPAR *et al.*, 2018). Além disso, foram detectadas em animais domésticos, de produção e em alimentos, sendo menos estudadas em espécies selvagens (WARDYN *et al.*, 2012). Pesquisas revelaram a presença desses microrganismos em mamíferos, aves e répteis (WALTHER *et al.*, 2010). Nos répteis, infecções bacterianas podem afetar a mobilidade, termorregulação, reprodução, sobrevivência e a dinâmica populacional especialmente quando combinadas com estressores de origem humana, representando um desafio adicional para a conservação da vida selvagem (JACOBSON, 2007; FOURNIÉ *et al.*, 2015).

A captura e o tráfico de animais selvagens podem facilitar a disseminação de patógenos, dada a exposição a condições sanitárias inadequadas, alto estresse e interação direta entre humanos e diferentes espécies animais. Esta prática aumenta o risco de espalhamento de estafilococos e de genes de resistência (MATIAS *et al.*, 2018). Contudo, estudos sobre a ocorrência, diversidade e resistência antimicrobiana em estafilococos isolados de animais selvagens, principalmente répteis, ainda são limitados (ESPINOSA-GONGORA *et al.*, 2012; BAGHERI *et al.*, 2018).

Portanto, é vital uma abordagem interdisciplinar que inclua estudos em ambientes além da saúde humana e de animais domésticos. Investigar a presença, diversidade e perfis de suscetibilidade aos antimicrobianos de *Staphylococcus* spp. em animais selvagens, especialmente répteis, é essencial para entender melhor a epidemiologia desses microrganismos e desenvolver estratégias eficazes contra a RAM. Esta abordagem não só beneficia a saúde humana e animal, mas também é crucial para a conservação da biodiversidade (ESPINOSA-GONGORA *et al.*, 2012; BAGHERI *et al.*, 2018). Desse modo, objetivou-se realizar a identificação e análise de espécimes do gênero *Staphylococcus* provenientes de répteis localizados no Centro de Triagem e Reabilitação de Animais Silvestres de Pernambuco, CETRAS - Tangara.

2 MATERIAIS E MÉTODOS

Este estudo recebeu aprovação ética da Comissão de Ética no Uso de Animais da Universidade Federal Rural de Pernambuco, protocolo nº 4094160421, e foi registrado no Sistema Nacional de Gestão do Patrimônio Genético e do Conhecimento Tradicional Associado (SISGEN) sob o número AC42592, além de possuir licença do Sistema de Autorização e Informações em Biodiversidade (SISBIO) nº 82873. As atividades de pesquisa ocorreram no Centro de Triagem e Reabilitação de Animais Silvestres de Pernambuco (CETRAS-Tangara), situado em Recife, Pernambuco. O CETRAS-Tangara é encarregado da recepção, reabilitação e destinação adequada de animais silvestres resgatados de situações de tráfico ou vulnerabilidade (IUCN, 2002; IBAMA, 2020).

A coleta de amostras biológicas foi efetuada utilizando *swabs* estéreis, inseridos na

orofaringe e na cloaca dos répteis durante os procedimentos rotineiros de manejo por profissionais qualificados do CETRAS. Os *swabs* foram armazenados em tubos Falcon identificados com caldo Mueller Hinton enriquecido com NaCl 6,5% (ESPINOSA-GONGORA *et al.*, 2012). Transportadas em caixas isotérmicas com gelo reciclável para manter a temperatura entre 4-10°C, as amostras foram enviadas ao Laboratório de Doenças Infectocontagiosas dos Animais Domésticos (LDIC) da Universidade Federal Rural de Pernambuco para análise microbiológica e molecular.

Amostras foram obtidas da orofaringe e cloaca de répteis da ordem Testudines, incluindo três exemplares da família Cheloniidae (espécie *Phrynops geoffroanus*) e 67 da família Testudinidae (espécie *Chelonoidis carbonaria*). No laboratório, as amostras foram incubadas em estufa bacteriológica a 37°C por 24 horas. Seguiu-se o isolamento bacteriano em Ágar Sal Manitol, com nova incubação de 24 a 48 horas. Após isso, realizou-se a coloração de Gram para identificar as características morfotintoriais dos agentes isolados (CARTER, 1998). Colônias típicas de *Staphylococcus* spp. no Ágar Sal Manitol foram semeadas, novamente, para aumentar a quantidade de bactérias para extração de DNA genômico. Após 24 horas de incubação a 37°C ($\pm 1^\circ\text{C}$), aplicou-se a técnica de extração térmica de DNA, conforme Fan, Kleven, Jackwood (1995). A concentração e pureza do DNA foram mensuradas usando um espectrofotômetro (Thermo Fisher Scientific, Massachusetts, EUA) com leituras de absorbância a 260 nm, como descreve Brakstad, Aasbakk, Maeland (1992).

Os isolados foram cultivados em caldo BHI (Difco Laboratories Inc., Detroit, EUA), incubados durante a noite e congelados a -80°C com 20% de glicerol como crioprotetor. Posteriormente, foram recuperados em Ágar Sal Manitol e submetidos a análises moleculares para identificar a espécie *Staphylococcus aureus*. A confirmação de *S. aureus* foi realizada por Reação em Cadeia da Polimerase (PCR), amplificando o gene *nuc*, conforme descrito por Kateete, Kimane, Katabazi (2010). Utilizou-se a cepa ATCC® 43300 *S. aureus* subespécie aureus como controle positivo e Água Livre de DNA (QIAGEN, Hilden, Alemanha) como controle negativo. Os resultados foram analisados por eletroforese em gel de agarose a 2%.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Foram identificadas 123 colônias indicativas do gênero *Staphylococcus*. Deste total, 3,25% (4/123) foram isoladas de *P. geoffroanus* (Cágado-de-barbicha), enquanto o restante de 96,75% (119/123) foi obtido de *C. carbonária* (Jabuti-piranga). Entre as amostras, duas colônias foram recuperadas da orofaringe e duas de cloaca de *P. geoffroanus*, enquanto 87 foram provenientes da orofaringe e 32 da cloaca da espécie *C. carbonária* (TABELA 1). Destaca-se que todos esses isolados foram negativos na PCR para o gene *nuc*, portanto, todos pertencentes à classificação de SNA.

Tabela 1. Relação do número de colônias isoladas segundo a espécie e região anatômica.

Nome comum	Nome científico	Orofaringe	Cloaca
Cágado-de-barbicha	<i>Phrynops geoffroanus</i>	2	2
Jabuti-piranga	<i>Chelonoidis carbonária</i>	87	32

Nos últimos anos, observou-se um crescimento mundial na escolha de répteis como pets. Estes bichos exóticos, em particular as tartarugas, estão se tornando cada vez mais populares devido ao seu visual atrativo e temperamento tranquilo (Hossain *et al.*, 2020). Apesar da ascendente adoção de répteis como pets, pesquisas indicam que tais animais podem ser um risco em potencial para a saúde humana (Ramos *et al.*, 2019). Eles têm a capacidade de servir como fontes e potenciais transmissores de agentes infecciosos, tais como *Salmonella* spp., *Escherichia coli* patogênica e *Leptospira* spp., e ainda podem favorecer a propagação de genes

resistentes a antimicrobianos (Ebani, 2017; Ramos *et al.*, 2019).

Durante anos, as espécies do gênero *Staphylococcus* foram objeto de estudo intensivo em seres humanos e animais domésticos. Contudo, estudos envolvendo animais selvagens são escassos. Há registros da presença e da resistência a antimicrobianos de estafilococos provenientes de diversos mamíferos silvestres, aves e inclusive anfíbios (Ruiz-ripa *et al.*, 2020). Contudo, os trabalhos relacionados a estafilococos em répteis são limitados (Cardoso-brito *et al.*, 2019).

Em investigação recente no Brasil, Santana *et al.* (2022), identificou que 48 de 66 tartarugas examinadas (72,7%) apresentaram positividade para espécies de estafilococos. Especificamente, todos os isolados identificados pertenciam ao grupo *Staphylococcus* não aureus. Entre essas espécies, a *S. sciuri* destacou-se, sendo encontrada em 81,3% das amostras, um valor significativamente superior em comparação com as demais espécies identificadas. Relativamente à resistência antimicrobiana, dos isolados obtidos, 56,2% mostraram resistência a, pelo menos, um dos antimicrobianos testados. Por outro lado, 43,8% dos isolados se mostraram suscetíveis a todos os agentes antimicrobianos. A resistência à penicilina G foi notavelmente alta, afetando 35,5% dos isolados. Outros agentes, como tetraciclina, clindamicina e trimetoprim/sulfametoxazol, também apresentaram resistência, mas em proporções menores. Vale destacar que, em todas as quatro espécies estafilocócicas identificadas, foi possível encontrar isolados resistentes à tetraciclina. Além disso, cada espécie tinha isolados resistentes a mais de um tipo de antimicrobiano, caracterizando a co-resistência. Do ponto de vista da saúde pública, é crucial estabelecer a procedência dos microrganismos relacionados à origem das enfermidades. Assim, a identificação precisa de bactérias patogênicas torna-se fundamental para rastrear os focos e as fontes de contaminação e infecção. É igualmente vital para acompanhar a propagação desses agentes infecciosos dentro, através e para além das comunidades animais (Nagase *et al.*, 2002).

4 CONCLUSÃO

Em conclusão, a presente pesquisa sugere que répteis pertencentes à ordem Testudines são principalmente colonizadas por *Staphylococcus* não aureus. Desse modo, percebe-se a relevância de reconhecer a existência e a variedade de microrganismos nesses répteis. Afinal, esses microrganismos têm impactos significativos tanto para a saúde animal, humana e ambiental, com potencial de influenciar também na propagação da resistência a antimicrobianos.

REFERÊNCIAS

BAGHERI, Bahareh; ZAMBELLI, Paolo; VIGENTINI, Ileana; BAUER, Florian Franz; SETATI, Mathabatha Evodia. Investigating the Effect of Selected Non-Saccharomyces Species on Wine Ecosystem Function and Major Volatiles. **Frontiers In Bioengineering And Biotechnology**, [S.L.], v. 6, p. 0, 13 nov. 2018. Frontiers Media SA. <http://dx.doi.org/10.3389/fbioe.2018.00169>.

BRAKSTAD, O.; AASBAKK, K.; MAELAND, J. A. Detection of *S. aureus* by polymerase chain reaction amplification of the nuc gene. **Journal of Clinical Microbiology**, v. 30, p.1654-1660, 1992.

CARDOSO-BRITO, V. et al. Conjunctival bacterial flora and antimicrobial susceptibility of captive and free-living sea turtles in Brazil. **Veterinary Ophthalmology**, v.22, p.246–255, 2019. Available from: <<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1111/vop.12584>>. Accessed: May, 3, 2021. doi: <https://doi.org/10.1111/vop.12584>.

CARTER, G. R. **Fundamentos de bacteriologia e micologia veterinária**. São Paulo: Roca, 1988. p.197- 198.

CONDAS, Larissa Anuska Zeni. **Distribution of Staphylococcus non-aureus isolated from bovine milk in Canadian herds**. 2016. 146 f. Tese (Doutorado) - Curso de Veterinary Medical Sciences, University Of Calgary, Calgary, Alberta, 2016.

DUQUENNE, Manon; DERZELLE, Sylviane; FLEUROT, Isabelle; AIGLE, Marina; DARRIGO, Claire; HENNEKINNE, Jacques-Antoine; MUTEL, Isabelle; BOUIX, Marielle; DEPERROIS-LAFARGE, Véronique; DELACROIX-BUCHET, Agnès. Milk maturation temperature and time are key technological parameters to limit staphylococcal enterotoxin production during uncooked semi-hard cheese manufacture. **Food Control**, [S.L.], v. 59, p. 118-127, jan. 2016. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.foodcont.2015.05.003>.

EBANI, V. V. Domestic reptiles as source of zoonotic bacteria: Amini review. **Asian Pacific Journal of Tropical Medicine**, v.10,p.723–728, 2017. Available from: <<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1995764517305035>>. Accessed: May, 3,2021. doi: 10.1016/j.apjtm.2017.07.020.

FAN, H. H.; KLEVEN, S. H.; JACKWOOD M. W. Application of polymerase chain reaction with arbitrary primers to strain identification of Mycoplasma gallisepticum. **Avian Diseases**. v. 39, p.729-735, 1995.

FOURNIÉ, Guillaume; KEARSLEY-FLEET, Lianne; OTTE, Joachim; PFEIFFER, Dirk Udo. Spatiotemporal trends in the discovery of new swine infectious agents. **Veterinary Research**, [S.L.], v. 46, n. 1, p. 1-9, 28 set. 2015. Springer Science and Business Media LLC. <http://dx.doi.org/10.1186/s13567-015-0226-8>.

GÓMEZ-SANZ, Elena; CEBALLOS, Sara; RUIZ-RIPA, Laura; ZARAZAGA, Myriam; TORRES, Carmen. Clonally Diverse Methicillin and Multidrug Resistant Coagulase Negative Staphylococci Are Ubiquitous and Pose Transfer Ability Between Pets and Their Owners. **Frontiers In Microbiology**, [S.L.], v. 10, p. 1-17, 26 mar. 2019. Frontiers Media SA. <http://dx.doi.org/10.3389/fmicb.2019.00485>.

HASMAN, H.; MOODLEY, A.; GUARDABASSI, L.; et al. Spa type distribution in Staphylococcus aureus originating from pigs, cattle and poultry. **Veterinary Microbiology**, v. 141, n. 3–4, p. 326–331, 2010.

HOSSAIN, S. et al. Phylogenetic relationships, virulence and antimicrobial resistance properties of Klebsiella sp. isolated from pet turtles in Korea. **Letters in Applied Microbiology**, v.70, p.71– 78, 2020. Available from: <<https://sfamjournals.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1111/lam.13245>>. Accessed: May, 3, 2021. doi: 10.1111/lam.13245.

HWANG, Andrew Y.; GUMS, John G. The emergence and evolution of antimicrobial resistance: Impact on a global scale. **Bioorganic & Medicinal Chemistry**, v. 24, n. 24, p. 6440–6445, 2016.

IBAMA. **Instituto Brasileiro do Meio Ambiente e dos Recursos Naturais Renováveis**. 2020. Sítio eletrônico. Disponível em:. Acesso em 06 abr. 2021.

IUCN. International Union for Conservation of Nature and Natural Resources, **Guidelines for the Placement of Confiscated Animals**, 2002.

JACOBSON, Elliott R. (Org.). **Infectious Diseases and Pathology of Reptiles: Color Atlas and Text**. 0. ed. [s.l.]: CRC Press, 2007. Disponível em: Acesso em: 6 abr. 2022.

KASPAR, Ursula; LÜTZAU, Alexa von; SCHLATTMANN, Andreas; et al. Zoonotic multidrug-resistant microorganisms among small companion animals in Germany. **PLOS ONE**, v. 13, n. 12, p. e0208364, 2018.

KATEETE, D.P., KIMANI, C.N., KATABAZI, F.A. et al. Identification of *Staphylococcus aureus*: DNase and Mannitol salt agar improve the efficiency of the tube coagulase test. **Ann Clin Microbiol Antimicrob**, v.9, n. 23, 2010.

LAKHUNDI, Sahreena; ZHANG, Kunyan. Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus*: Molecular Characterization, Evolution, and Epidemiology. **Clinical Microbiology Reviews**, v. 31, n. 4, p. e00020-18, 2018.

LIENEN, Julian; HULLERMEIER, Eyke; EWERTH, Ralph; NOMMENSEN, Nils. Monocular Depth Estimation via Listwise Ranking using the Plackett-Luce Model. 2021 **Ieee/Cvf Conference On Computer Vision And Pattern Recognition (Cvpr)**, [S.L.], v. -, n. -, p. 14595-14604, jun. 2021. IEEE. <http://dx.doi.org/10.1109/cvpr46437.2021.01436>.

LIN, Jun; NISHINO, Kunihiko; ROBERTS, Marilyn C.; TOLMASKY, Marcelo; AMINOV, Rustam I.; ZHANG, Lixin. Mechanisms of antibiotic resistance. **Frontiers In Microbiology**, [S.L.], v. 6, p. 1-3, 5 fev. 2015. Frontiers Media SA. <http://dx.doi.org/10.3389/fmicb.2015.00034>.

MATIAS, C.S.L., FERREIRA-SILVA, C., SOUSA, J.G.G. & ÁVILA, R.W. 2018. Helminths infecting the black false boa *Pseudoboa nigra* (Squamata: Dipsadidae) in northeastern Brazil. *Acta. Herpetol.* 13:171-175. https://doi.org/10.13128/Acta_Herpetol-23366 (last access on 07/09/2019).

MOREHEAD, Martha Shawn; SCARBROUGH, Catherine. Emergence of Global Antibiotic Resistance. **Primary Care: Clinics in Office Practice**, [S.L.], v. 45, n. 3, p. 467-484, set. 2018. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.pop.2018.05.006>.

MOREL, Léo; YAO, Zhibin; CLADÉ, Pierre; GUELLATI-KHÉLIFA, Saïda. Determination of the fine-structure constant with an accuracy of 81 parts per trillion. **Nature**, [S.L.], v. 588, n. 7836, p. 61-65, 2 dez. 2020. Springer Science and Business Media LLC. <http://dx.doi.org/10.1038/s41586-020-2964-7>.

NAGASE, N., SASAKI, A., YAMASHITA, K., SHIMIZU, A., WAKITA, Y., KITAI, S., KAWANO, J. (2002) Isolation and species distribution of staphylococci from animal and human skin. **J. Vet. Med. Sci.** 64, 245–250.

PALMA, Ernesto; TILOCCA, Bruno; RONCADA, Paola. Antimicrobial Resistance in Veterinary Medicine: an overview. **International Journal Of Molecular Sciences**, [S.L.], v. 21, n. 6, p. 1914, 11 mar. 2020. MDPI AG. <http://dx.doi.org/10.3390/ijms21061914>.

RAMOS, C. P. et al. Identification and characterization of *Escherichia coli*, *Salmonella* Spp., *Clostridium perfringens*, and *C. difficile* isolates from reptiles in Brazil. **BioMed Research International**, v.2019, p.1–9, 2019. Available from:

<<https://www.hindawi.com/journals/bmri/2019/9530732/>>. Accessed: May, 3,2021. doi: 10.1155/2019/9530732.

RUIZ-RIPA, L. et al. Frequency and characterization of antimicrobial Resistance and Virulence Genes of Coagulase Negative Staphylococci from Wild Birds in Spain. Detection of *Staphylococcus sciuri* Isolates. **Microorganisms**, v.8,p.1317, 2020. Available from:

<<https://www.mdpi.com/2076-2607/8/9/1317>>. Accessed: May, 3, 2021. doi: 10.3390/microorganisms8091317.

SANTANA, Jordana Almeida et al. Isolamento e resistência aos antimicrobianos de estafilococos coagulase negativos recuperados de jabutis saudáveis em Minas Gerais, Brasil. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 52, n. 7, p. e20210354, 2022. <http://doi.org/10.1590/0103-8478cr20210354>.

TONG, Steven Y. C.; DAVIS, Joshua S.; EICHENBERGER, Emily; et al. *Staphylococcus aureus* infections: epidemiology, pathophysiology, clinical manifestations, and management. **Clinical Microbiology Reviews**, v. 28, n. 3, p. 603–661, 2015.

WALTHER, Birgit; WIELER, Lothar H.; FRIEDRICH, Alexander W.; et al. Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) isolated from small and exotic animals at a university hospital during routine microbiological examinations. **Veterinary Microbiology**, v. 127, n. 1–2, p. 171–178, 2008.

WARDYN, Shylo E.; KAUFFMAN, Lin K.; SMITH, Tara C.. Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in Central Iowa Wildlife. **Journal Of Wildlife Diseases**, [S.L.], v. 48, n. 4, p. 1069-1073, out. 2012. Wildlife Disease Association. <http://dx.doi.org/10.7589/2011-10-295>.

WUYTACK, Francesca; BEGLEY, Cecily; DALY, Deirdre. Risk factors for pregnancy-related pelvic girdle pain: a scoping review. **Bmc Pregnancy And Childbirth**, [S.L.], v. 20, n. 1, p. 1-14, 27 nov. 2020. Springer Science and Business Media LLC. <http://dx.doi.org/10.1186/s12884-020-03442-5>.