

Ocorrência e diversidade de bactérias produtoras de betalactamases de espectro estendido em corpos d'água sob diferentes impactos antropogênicos numa mesma região metropolitana

AÇUCENA CERQUEIRA MARINHO¹, WELLINGTON FELIPE COSTA¹, JHONATHA RODRIGO CORDEIRO-MOURA¹, LUCA MOKUS¹, KARINA MORGADO¹, ELISA PIRES COLTRO¹, RENATA CRISTINA PICÃO¹, RAQUEL BONELLI¹

¹. UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO DE JANEIRO, INSTITUTO DE MICROBIOLOGIA PAULO GÓES, RIO DE JANEIRO, RIO DE JANEIRO (RJ), BRAZIL

A resistência aos antimicrobianos é um importante problema de saúde no século XXI. Neste contexto, a disseminação ambiental de estirpes resistentes é apontada como um fator crítico no âmbito da saúde única. O presente projeto dedica-se a investigar, em uma grande região metropolitana, a identidade e as características dos gêneros bacterianos portadores de genes codificadores de betalactamases de espectro estendido (ESBL), utilizando como amostras corpos d'água sob diferentes impactos antropogênicos. As amostras incluíram efluentes hospitalares (n=5), rios contaminados por efluentes comunitários (n=7), rios rurais impactados por resíduos da agropecuária (n=8) e águas costeiras recreativas (n=9). Cultivos massivos do produto da filtração destas águas foram obtidos em ágar MacConkey (Difco), com subsequente transferência do crescimento por replica plate para CHROMagar Orientation contendo cefepima (16 µg/mL). As colônias obtidas foram isoladas e identificadas por MALDI-TOF MS. Estirpes pertencentes aos taxa *Enterobacterales*, *Aeromonas* spp. e *Pseudomonas* spp. foram submetidas à disco-aproximação e/ou disco combinado para detecção fenotípica de ESBL. Todas as estirpes com fenótipo sugestivo de ESBL foram submetidas a antibiograma. Foram recuperados 453 isolados, pertencentes a 24 gêneros. Destas, 206 estirpes pertenciam aos taxa de interesse e 160 foram confirmadas como produtoras de ESBL. Os isolados ESBL-positivos distribuíram-se entre a espécie *Escherichia coli* (n=73/74) e os gêneros *Klebsiella* spp. (n=45/68), *Enterobacter* spp. (n=23/27) e *Citrobacter* spp. (n=9/11), além de *Raoultella* spp. (n=4/5), *Serratia* spp. (n=2/4), *Phytobacter* spp. (n=2/2), *Aeromonas* spp. (n=1/2) e *Morganella* spp. (n=1/1), enquanto todas as estirpes obtidas de *Providencia* spp. (n=0/3) e *Pseudomonas* spp. (n=0/9) foram ESBL-negativas. A maioria das estirpes ESBL-positivas foi obtida de efluentes hospitalares (96; 60%), seguida por rios contaminados por esgoto comunitário (45; 28%), águas costeiras recreativas (11; 7%) e rios rurais impactados por resíduos da agropecuária (8; 5%). O antibiograma revelou que 120 isolados caracterizados (75%) apresentavam apenas o fenótipo ESBL, enquanto 40 (25%) apresentavam fenótipo ESBL associado a possível pAmpC ou carbapenemase. Tais fenótipos complexos ocorreram em efluentes hospitalares (n=36), rios rurais (n=2) e águas costeiras recreativas (n=2). Alta frequência de resistência à gentamicina, à ciprofloxacina e/ou ao sulfametoxazol-trimetoprim foi identificada nas amostras produtoras de ESBL em todos os ambientes. Nosso trabalho demonstrou a presença de bactérias produtoras de ESBL em diferentes contextos ambientais, com destaque para a abundância e a complexidade dessas bactérias nos efluentes hospitalares. Conhecer as características dos portadores de genes de interesse em diferentes contextos ambientais pode contribuir para uma melhor descrição do cenário local e para o desenvolvimento de estratégias de mitigação da disseminação da

resistência numa perspectiva de saúde única.

Agradecimentos: O presente trabalho foi realizado com apoio da Fundação Carlos Chagas Filho de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro (FAPERJ; E-26/211.351/2021). Agradecemos à FAPERJ pela bolsa de iniciação científica concedida a ACM (E-26/201.083/2025) e PD a WFC (E-26/210.673/2023); e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) por bolsa PDJ a JRCM e bolsa PQ a RCM e RRB.