

**CADASTRO DE**

**QUALIFICAÇÃO**

**TRABALHO DE**

### **1. IDENTIFICAÇÃO**

<b>AUTOR</b>	<b>Naiana Correa Ribeiro</b>
<b>Mês/Ano de Ingresso do Autor</b>	<b>03/2023</b>
<b>Data da Qualificação e HORA</b>	<b>10/02/2025 – 10:00 hrs</b>
<b>Local</b>	<b>Centro de Genômica e Biologia de Sistemas - CGBS</b>
<b>Nível</b>	<b>Mestrado</b>
<b>Título do Trabalho</b>	<b>VIGILÂNCIA AMBIENTAL DE BETA-LACTAMASES POR qPCR E AVALIAÇÃO DA CAPACIDADE DE REMOÇÃO POR ESTAÇÕES DE TRATAMENTO DE ESGOTO DE BELÉM-PA.</b>

### **2. REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICA**

<b>Nº de Páginas</b>	<b>62</b>
<b>Palavra-Chave</b>	Multirresistência bacteriana, bactérias Gram-negativas, genes de resistência, sistemas de tratamento hídrico, qPCR, vigilância ambiental.

### **3. RESUMO**

O uso indiscriminado de antimicrobianos ao longo dos anos tem causado um grande impacto na saúde pública mundial, onde patógenos têm adquirido multirresistência (MDR - Multidroga resistente) aos principais tratamentos antimicrobianos. Nesse cenário, bactérias Gram-negativas (GN) obtiveram maior aquisição de genes de resistência a antibióticos (ARGs), pelo indiscriminado uso de fármacos beta-lactâmicos ao longo das décadas, que foi drasticamente impulsionado durante a pandemia do novo Coronavírus (*SARS-CoV-2*). Tendo em mente que estas drogas podem acessar o ambiente a partir de resíduos liberados pelas práticas antrópicas, corpos hídricos atuam como potenciais fontes de ARGs, alterando a comunidade bacteriana e composição dos ecossistemas aquáticos. A partir dessas evidências, o presente estudo utilizou uma abordagem de vigilância ambiental para detecção dos genes de beta-lactamase *bla*<sub>OXA-48</sub>, *bla*<sub>GES</sub>, *bla*<sub>IMP</sub>, *bla*<sub>NDM</sub>, *bla*<sub>VIM</sub>, *bla*<sub>CTX-M</sub> e *bla*<sub>KPC</sub>, comumente presentes em bacilos MDR, por ensaio de PCR quantitativa, em quatro estações de tratamento de Esgoto (ETEs) da região Metropolitana de Belém (RMB), por intermédio da Companhia de Saneamento do Pará (COSANPA). As análises geradas ao longo de 4 meses evidenciaram a presença de todos os genes testados em todas as ETE em pelo menos um dos meses analisados com ênfase nos genes *bla*<sub>GES</sub>, e *bla*<sub>CTX-M</sub>, presente todos os meses. O *bla*<sub>KPC</sub> foi o terceiro gene mais evidente, gerando alerta devido sua relevância e gravidade clínica. Fora também constatado casos de ausência dos genes de resistência na entrada do tratamento de certas ETEs seguida de presença na sua saída, indagando a possibilidade de uma comunidade microbiana residente ao sistema de tratamento transferindo genes para as células presentes nos efluentes. Conclui-se assim o êxito da metodologia adotada para o monitoramento gênico, agilizando a emissão de laudos e alertas para a referida problemática..

#### 4. ORIENTADOR(ES)

IES

<b>Rafael Azevedo Baraúna</b>	<b>UFPA</b>

#### 5. BANCA EXAMINADORA (\*)

IES

<b>Danielle Murici Brasiliense</b>	<b>IEC</b>
<b>Diego Assis das Graças</b>	<b>UFPA</b>
<b>Juliana Simão Nina de Azevedo</b>	<b>UFRA</b>
<b>Adriana Ribeiro Carneiro Nunes - Suplente</b>	<b>UFPA</b>

(\*) Caso o membro seja externo, este deverá preencher formulário próprio.