ID do trabalho: 22100
Área Técnica do trabalho: Temas Livres
Tipo de Trabalho: Trabalho Científico

PRESENÇA DE GENES DE RESISTÊNCIA A ANTIBIÓTICOS BETA LACTÂMICOS EM BACTÉRIAS PRESENTES EM AMOSTRAS DE ÁGUA: UMA REVISÃO DE ESCOPO

APRESENTAÇÃO: 01 A 03 DE MAIO DE 2025
FORMA DE APRESENTAÇÃO (FINAL): E-POSTER

VERSA, REGINA[1];
ANTONIOLLI, MARINEZ AMÁBILE[1];
FIORENTIN, EDUARDA[1];
BARILI, SABRINA[1];
DA SILVA CORRALO, VANESSA[1].

[1] UNIVERSIDADE COMUNITÁRIA DA REGIÃO DE CHAPECÓ (UNOCHAPECÓ), CHAPECÓ - SC - BRASIL

Fundamentação/Introdução: A resistência antimicrobiana em ambientes aquáticos representa um desafio crescente à saúde pública e ao equilíbrio ecológico. A Organização Mundial da Saúde (OMS) alerta para o uso excessivo de antibióticos e a escassez de novas terapias, que agravam essa ameaça global. Genes codificadores de beta-lactamases de espectro estendido (ESBL) e carbapenemases conferem resistência a antimicrobianos essenciais no tratamento de infecções por Enterobacteriaceae Objetivos: Investigar a ocorrência dos genes blaCTX-M, blaNDM e blaKPC em Enterobacteriaceae isoladas de amostras de água. Delineamento e Métodos: Foi realizada uma revisão de escopo conforme as diretrizes do Joanna Briggs Institute (JBI), estruturada pelo acrônimo PCC, onde População (P) incluiu Enterobacteriaceae isoladas de amostras de água; Conceito (C) envolveu a presença de genes de resistência produtores de beta-lactamases e carbapenemases; e o contexto (C) considerou estudos primários publicados.Foram incluídos artigos dos últimos 10 anos, disponíveis nas bases PubMed, Lilacs, Embase, Scopus e Web of Science, em português, inglês ou espanhol. Os descritores em saúde utilizados foram: beta-Lactam Resistance; Enterobacteriaceae; Drug Resistance, Multiple, Bacterial; Drug Resistance, Bacterial; antibiotic; anti-infective; antimicrobial; ESBL; extended spectrum e One Health, os quais foram combinados com o uso dos operadores booleanos AND e OR Resultados: Foram identificados 4072 artigos, dos quais 3965 foram excluídos por não atenderem aos critérios de elegibilidade. Foi realizada a leitura na íntegra de 107 artigos. Dos quais 32 artigos foram excluídos. Ao final, foram incluídos 75 artigos que investigaram pelo menos um dos genes de interesse. A presença dos genes foi majoritariamente relatada em águas superficiais (94,7%). O gene blaCTX-M esteve presente em 92% dos estudos, evidenciando sua disseminação ambiental. Os genes blaNDM e blaKPC foram encontrados em 22,7% e 17,3% dos estudos. A coocorrência dos três genes na mesma amostra foi relatada em 5,3% dos artigos. Conclusões/Considerações Finais: A identificação dos genes blaCTX-M, blaNDM e blaKPC em águas sem tratamento reforça a necessidade de monitoramento contínuo da resistência antimicrobiana em amostras ambientais sob a abordagem One Health. A ampla disseminação desses genes em águas ressalta a importância de estratégias integradas para mitigar os riscos e reduzir impactos na saúde pública global.

Palavras-Chave: Águas superficiais; Enterobacteriaceae; Resistência a beta-lactâmicos.