

Vigilância ambiental da Resistência a carbapenêmico: detecção dos genes *blaKPC* e *blaNDM* em bactérias gram-negativas isoladas de estações de tratamento de esgoto do Distrito Federal

Lima, A. D, Pereira, A. L

Universidade de Brasília (UnB), Faculdade Medicina, DF, Brasil.

Autor correspondente: daniel.reju@outlook.com

Palavras Chaves: Monitoramento ambiental; Biotecnologia sustentável; Gestão de efluentes; Saúde pública; Inovação científica.

Resumo: A resistência a antimicrobianos (RAM) é considerada uma das maiores ameaças à saúde pública, responsável por milhões de mortes anuais e fortemente associada a bacterioses Gram-negativas produtoras de carbapenemases. Os principais determinantes moleculares destacam-se os genes *blaKPC* e *blaNDM*, frequentemente mobilizados por plasmídeos e transposons, e amplamente disseminados em surtos hospitalares e ambientes comunitários. Além do impacto clínico, cresce a preocupação com o papel ambiental das Estações de Tratamento de Esgoto (ETEs), que funcionam como reservatórios e pontos de dispersão de bactérias resistentes. Contudo, a presença e persistência desses genes em ETEs do Distrito Federal (DF) ainda é pouco explorada. Trata-se de um estudo experimental, exploratório e transversal, voltado à detecção dos genes *blaKPC* e *blaNDM* em bactérias Gram-negativas isoladas de esgoto. Foram coletadas amostras de 8 ETEs do DF. As amostras foram cultivadas em ágar nutriente, isoladas e submetidas a testes de resistência aos carbapenêmicos. O rastreio inicial de resistência a carbapenêmicos foi realizado utilizando discos de meropenem (10 µg/mL), e ertapenem (2µg/mL). Ambos os antibióticos são indicados como marcadores de resistência a carbapenêmicos e apresentam equivalência no rastreio fenotípico segundo o CLSI/EUCAST. O DNA bacteriano foi extraído por lise térmica e analisado por PCR convencional, utilizando controles positivos. Os dados obtidos foram submetidos à análise estatística descritiva, com cálculo de médias, modas e intervalos de confiança (IC95%), visando à caracterização da frequência e distribuição dos genes de resistência entre as amostras analisadas. Pergunta-se, assim, se *blaKPC* e *blaNDM* estão presentes nesses ambientes, partindo da hipótese de que as ETEs atuam como reservatórios críticos de resistência. Resultados: Foram coletadas amostras em quatro pontos distintos (Bruto, Tratado, Montante e Jusante), possibilitando o isolamento de diferentes grupos presuntivos de bacilos Gram-negativo. Após a determinação de grupos presuntivos por

meio cromogênio, foi realizado isolamento e reativação das culturas. Posteriormente, realizou-se a extração de DNA por lise térmica, seguida de PCR para detecção dos genes de resistência. Entre as 648 amostras testadas para *blaKPC*, 204 foram positivas, correspondendo a uma frequência de aproximadamente 31,5% (IC95%: 27,9–35,1). Já para o gene *blaNDM*, foram analisadas 306 amostras, das quais 86 apresentaram positividade, representando cerca de 28,1% (IC95%: 23,1–33,1). Observa-se, portanto, uma maior prevalência do gene *blaKPC* em relação ao *blaNDM*, embora ambos apresentem distribuição relevante no contexto ambiental avaliado. Discussão: Os resultados confirmam a alta prevalência do gene *blaKPC* em bacilos Gram-negativos, enquanto o gene *blaNDM* apresentou menor frequência, embora de relevância crescente. Do ponto de vista acadêmico, o estudo contribui para ampliar o conhecimento sobre a epidemiologia molecular da resistência a carbapenêmicos. Sob a perspectiva social, reforça-se a necessidade de vigilância contínua, pois a disseminação desses genes em ambientes aquáticos ameaça a eficácia terapêutica e evidencia-se a necessidade do desenvolvimento de estratégias inovadoras para mitigar a resistência antimicrobiana e promover um futuro mais sustentável.

4. REFERÊNCIAS

1. CDC. Antibiotic Resistance Threats in the United States. Atlanta: Centers for Disease Control and Prevention; 2019.
2. Lee CR, Lee JH, Park KS, et al. Global dissemination of carbapenemase-producing *Klebsiella pneumoniae*: epidemiology, genetic context, and treatment options. *Front Microbiol.* 2016;7:895.
3. Yigit H, Queenan AM, Anderson GJ, et al. Novel carbapenem-hydrolyzing β -lactamase, KPC-1, from a carbapenem-resistant strain of *Klebsiella pneumoniae*. *Antimicrob Agents Chemother.* 2001;45(4):1151-61.
4. Monteiro J, Inoue FM, Lobo APT, et al. A major monoclonal hospital outbreak of NDM-1-producing *Klebsiella pneumoniae* ST340. *Infect Control Hosp Epidemiol.* 2019;40(4):492-4.
5. Picao RC, Cardoso JP, Campana EH, et al. The route of antimicrobial resistance from the hospital effluent to the environment. *Diagn Microbiol Infect Dis.* 2013;76(1):80-5.

