



**UNIVERSIDADE FEDERAL DO OESTE DO PARÁ
INSTITUTO DE CIÊNCIAS E TECNOLOGIA DAS ÁGUAS
BACHARELADO EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS**

ANNA CÉLIA OLIVEIRA SARMENTO

**DIVERSIDADE E PERFIL DE RESISTÊNCIA DE BACTÉRIAS ORIUNDAS DE
BACIA E MICROBACIA URBANA DE SANTARÉM, PARÁ, BRASIL**

SANTARÉM-PA

2023

ANNA CÉLIA OLIVEIRA SARMENTO

**DIVERSIDADE E PERFIL DE RESISTÊNCIA DE BACTÉRIAS ORIUNDAS DE
BACIA E MICROBACIA URBANA DE SANTARÉM, PARÁ, BRASIL**

Trabalho de Conclusão de Curso
apresentado ao Programa de Ciências
Biológicas para obtenção grau de
Bacharelado em Ciências Biológicas;
Universidade Federal do Oeste do Pará,
Instituto de Ciências e Tecnologia das
Águas.

Orientadora: Prof. Dr^a. Graciene do
Socorro Taveira Fernandes

**SANTARÉM-PA
2023**

Dados Internacionais de Catalogação-na-Publicação (CIP)
Sistema Integrado Bibliotecas – SIBI/UFOPA

S246d Sarmiento, Anna Célia Oliveira
Diversidade e perfil de resistência de bactérias oriundas de bacia e microba-
cia urbana de Santarém, Pará, Brasil / Anna Célia Oliveira Sarmiento – Santa-
rém, 2022.
48 f.: il.

Orientadora: Graciene do Socorro Taveira Fernandes
Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação) – Universidade Federal do
Oeste do Pará, Instituto de Ciência e Tecnologia das Águas, Curso de Bachare-
lado em Ciências Biológicas.

1. Ambientes aquáticos. 2. Resistência . 3. Microbacia. I. Fernandes, Gra-
ciene do Socorro Taveira, *orient.* II. Título.

CDD: 23 ed. 577.698115

Bibliotecário-Documentalista: Ronne Clayton de Castro Gonçalves – CRB-2/1410

ANNA CÉLIA OLIVEIRA SARMENTO

**DIVERSIDADE E PERFIL DE RESISTÊNCIA DE BACTÉRIAS CULTIVÁVEIS
ORIUNDAS DE BACIA E MICROBACIA URBANA DE SANTARÉM, PARÁ,
BRASIL**

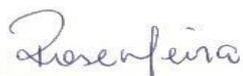
Trabalho de Conclusão de Curso
apresentado ao Programa de Ciências
Biológicas para obtenção grau de
Bacharelado em Ciências Biológicas;
Universidade Federal do Oeste do Pará,
Instituto de Ciências e Tecnologia das
Águas.

Conceito:

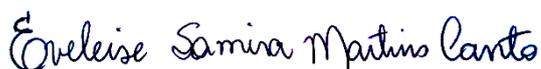
Data da aprovação: 05 de janeiro de 2023



Prof. Dr^a. Graciene do Socorro Taveira Fernandes



Prof. Dr^a. Rose Caldas De Souza Meira
Curso de Bacharelado em Engenharia Sanitária e Ambiental/ Universidade Federal do
Oeste do Pará



Prof. Dr^a. Eveleise Samira Martins Canto
Curso de Bacharelado em Ciências Biológicas/ Universidade Federal do Oeste do Pará

Dedicatória

Dedico à minha família pelo incentivo, aos amigos que me acompanharam nessa jornada e ao meu companheiro por toda ajuda e paciência nesta etapa.

AGRADECIMENTO

Agradeço a UFOPA e a FAPESPA pelo financiamento através da bolsa de iniciação científica que possibilitou o desenvolvimento deste projeto.

À minha família, agradeço a todo esforço que fizeram para que eu pudesse chegar aonde estou hoje, vocês fazem parte desta conquista. Em especial a minha mãe, Ada Lizette, que mesmo estando longe sempre esteve comigo.

À minha orientadora Prof.^a Dr^a Graciene do Socorro Taveira Fernandes, por aceitar fazer parte desta caminhada, me acolhendo no Laboratório de Bacteriologia (Labac) e por todo conhecimento repassado. Obrigada por toda paciência e por ter confiado em meu potencial.

A todos os professores do BCB que tive durante minha graduação, pelos ensinamentos que serão de grande importância para a construção da profissional que serei.

Meus mais sinceros agradecimentos aos meus amigos do Labac (Laboratório de bacteriologia) que tantas vezes me ajudaram na execução deste trabalho, pelas risadas e piadas. Vocês fizeram com que essa caminhada fosse mais leve.

Aos amigos que fiz durante a graduação, em especial ao “Grupo de oração” que foram pessoas com quem sempre pude contar nos momentos bons e ruins, que me apoiaram, aconselharam e me ajudaram nesta jornada.

Ao meu companheiro, melhor amigo e namorado Bernardo Mota, por estar ao meu lado desde o início deste projeto, até mesmo realizando coletas nos lugares mais difíceis. Muito obrigada por toda paciência, motivação e incentivo. Você foi crucial para realização deste trabalho.

E a todos que contribuíram de alguma forma para realização deste trabalho em especial: Andresa Krislany, Carla Mascarenhas, Carlos Henrique, Darlisson Mesquista, Gustavo Henrique e Marise Oliveira.

EPÍGRAFE

“O estudioso não é o homem que fornece as verdadeiras respostas; é aquele que faz as verdadeiras perguntas.”
(Lévi-Strauss, O Cru e o Cozido)

RESUMO

As bacias e microbacias são depositários dos processos resultantes de atividades antropogênicas desenvolvidas, causando forte impacto sobre a saúde ambiental e a microbiota. Estudos de resistência a antibióticos analisando microbiota ambiental, de matrizes como: água, solo e ar, podem ser alternativas viáveis para compreender o ciclo de aquisição de resistência por agentes patogênicos e oportunistas humanos, e quais fatores ambientais podem atuar nessa seleção. Desta forma, o presente estudo objetivou estudar a diversidade e avaliar o perfil de resistência a antimicrobianos de bactérias heterotróficas da bacia e microbacia urbana no município de Santarém, no estado do Pará. As coletas foram realizadas no período da manhã, em pelo menos dois pontos diferentes de bacia e microbacia do rio Tapajós em área urbana e periurbana, nos períodos chuvoso e de estiagem. Após as coletas as amostras de água foram acondicionadas em frascos de vidro estéreis e mantidas sob refrigeração, até a chegada no laboratório para as análises microbiológicas. Após o cultivo em meio Plate Count Ágar (PCA) e isolamento das bactérias em Tryptona Soja Ágar (TSA), foram realizados testes morfotintorial, bioquímicos e o perfil de resistência a antimicrobianos foi realizado pela técnica de difusão em disco em meio Mueller Hinton, através do método de Kirby Bauer. Foram testados 8 antimicrobianos de 7 classes: fluorquinolonas - ciprofloxacina (5 µg); carbapenêmicos - imipenem (10 µg); nitrofurantoína (300 µg); cloranfenicol (30 µg); penicilinas - penicilina (10 U.I); oxacilina (1 µg); aminopenicilinas - ampicilina (10 µg); beta-lactâmicos - amoxicilina/Ácido clavulânico (20/10µg); macrolídeos - eritromicina (15 µg) e aminoglicosídeos – gentamicina (30 µg); amicacina (30 µg). Os resultados mostraram a presença dos gêneros *Corynebacterium* sp., *Clostridium* sp., *Lactobacillus* sp., *Staphylococcus* sp., *Staphylococcus aureus*, *Serratia* sp., *Shigella* sp. e *Yersinia* sp. As cepas bacterianas testadas foram resistentes a diversos fármacos antimicrobianos, das quais 78,2% apresentaram resistência a pelo menos um antibiótico. No presente estudo as amostras foram obtidas de fontes naturais próximas às áreas urbanas e periurbanas, o que as torna ambientes ainda mais facilitados para o contato primário.

Palavra-chave: ambientes aquáticos; resistência; microbacia.

ABSTRACT

Basins and microbasins are depositaries of processes resulting from anthropogenic activities developed, causing a strong impact on environmental health and microbiota. Antibiotic resistance studies analyzing environmental microbiota, from matrices such as: water, soil and air, can be viable alternatives to understand the resistance acquisition cycle by human pathogens and opportunists, and which environmental factors can act in this selection. Thus, the present study aimed to study the diversity and evaluate the antimicrobial resistance profile of heterotrophic bacteria from the urban basin and microbasin in the municipality of Santarém, in the state of Pará. The collections were carried out in the morning, in at least two different points of the Tapajós river basin and microbasin in urban and peri-urban areas, during the rainy and dry periods. After collection, the water samples were placed in sterile glass bottles and kept under refrigeration until they arrived at the laboratory for microbiological analysis. After cultivation in Plate Count Agar (PCA) medium and isolation of bacteria in Tryptona Soja Agar (TSA), morphotinctorial and biochemical tests were performed and the profile of resistance to antimicrobials was carried out using the disk diffusion technique in Mueller Hinton medium, through of the Kirby Bauer method. Eight antimicrobials of seven classes were tested: fluoroquinolones - ciprofloxacin (5 µg); carbapenems - imipenem (10 µg); nitrofurantoin (300 µg); chloramphenicol (30 µg); penicillins - penicillin (10 I.U); oxacillin (1 µg); aminopenicillins - ampicillin (10 µg); beta-lactams - amoxicillin/clavulanic acid (20/10µg); macrolides - erythromycin (15 µg) and aminoglycosides - gentamicin (30 µg); amikacin (30 µg). The results showed the presence of the genera *Corynebacterium* sp., *Clostridium* sp., *Lactobacillus* sp., *Staphylococcus* sp., *Staphylococcus aureus*, *Serratia* sp., *Shigella* sp. and *Yersinia* sp. The bacterial strains tested were resistant to several antimicrobial drugs, of which 78.2% showed resistance to at least one antibiotic. In the present study, the samples were obtained from natural sources close to urban and peri-urban areas, which makes them even easier environments for primary contact.

Key word: aquatic environments; resistance; watershed.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

CAPÍTULO 1

Figura 1 – Preparo das diluições.....	17
Figura 2 – Placa com crescimento bacteriano.....	17
Figura 3 – Microscopia após coloração de Gram.....	18

CAPÍTULO 2

Figura 1 – Método de difusão em disco.....	34
Figura 2 – Halos de sensibilidade bacteriana.....	36
Figura 3 – Percentual de susceptibilidade bacteriana (resistente, sensível e resistência intermediária) a diferentes antimicrobianos em amostras ambientais de água.....	37
Figura 4 – Porcentagem de isolados sensíveis e resistentes a antimicrobianos nos períodos sazonais.....	40
Figura 5 – Dendrograma de similaridade entre antibióticos escolhidos, construído por meio do seu padrão de resistência aos antimicrobianos analisados.....	42

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO 1

Tabela 1 - Pontos de amostragem e descrição do local.....16

Tabela 2 – Números de cepas identificadas (n) e frequência de ocorrência (%) dos isolados bacterianos no período de estiagem.....19

Tabela 3 – Números de cepas identificadas (n) e frequência de ocorrência (%) dos isolados bacterianos no período chuvoso.....19

CAPÍTULO 2

Tabela 1 – Caracterização dos agentes antimicrobianos e padrões interpretativos para análise de resistência dos isolados através do teste de difusão em disco.....35

LISTA DE SIGLAS

AMI	Amicacina
AMO+CLA	Amoxicilina+Ácido Clavulânico
AMP	Ampicilina
CIP	Ciprofloxacina
CLO	Cloranfenicol
ERI	Eritromicina
IMP	Imipenem
OXA	Oxacilina
GEN	Gentamicina
NIT	Nitrofurantoína
PEN	Penicilina
LABAC	Laboratório de bacteriologia
CLSI	Clinical Laboratory Standards Institute
IBGE	Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística
ICTA	Instituto de Ciências e Tecnologia das Águas
MAR	Múltipla Resistência a Antimicrobianos
MH	Müller Hinton
PCA	Plate Count Ágar
TSA	Triptona Soja Ágar
ZN	Ziehl Neelsen

SUMÁRIO

INTRODUÇÃO GERAL.....	13
CAPÍTULO 1 - DIVERSIDADE DE BACTÉRIAS CULTIVÁVEIS DE BACIA E MICROBACIA URBANA DE SANTARÉM, PARÁ, BRASIL.....	15
1.1 Introdução.....	15
1.2 Metodologia.....	16
1.2.1 Locais e coleta da amostra.....	16
1.2.2 Processamento da amostra e obtenção dos isolados bacterianos.....	17
1.2.3 Análise estatística.....	18
1.3 Resultados e discussão.....	19
1.3.1 Caracterização fenotípica dos isolados bacterianos.....	19
CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	26
REFERÊNCIAS.....	27
CAPÍTULO 2- PERFIL DE RESISTÊNCIA DE BACTÉRIAS CULTIVÁVEIS DE BACIA E MICROBACIA URBANA DE SANTARÉM, PARÁ, BRASIL.....	32
2.1 Introdução.....	32
2.2 Metodologia.....	34
2.2.1 Perfil de resistência antimicrobiana.....	34
2.2.2 Obtenção do Índice de MAR.....	36
2.2.3 Análise estatística.....	36
2.3 Resultados e discussão.....	37
2.3.1 Perfil de resistência aos antibióticos.....	37
CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	43
REFERÊNCIAS.....	44

Introdução geral

A água é o recurso natural essencial para a manutenção da vida. Ela é a fonte fundamental para o consumo humano e animal, podendo ser utilizada também como escoadouro natural de atividades humanas (Hoffman *et al.*, 2010). A má distribuição deste recurso em diversas regiões leva populações a buscarem fontes alternativas para o abastecimento de água visando atender suas demandas. Isso ocorre, principalmente, em áreas periféricas onde geralmente são utilizadas água de nascentes e outras fontes naturais de qualidade duvidosa (Perdomo *et al.*, 2006), principalmente por não serem atendidas pelas concessionárias de água.

As microbacias têm grande importância no ambiente urbano, sendo utilizadas para atividades recreativas e como fonte de abastecimento, por humanos e animais, fazendo com que as pesquisas que objetivam monitorar a sua qualidade e preservação sejam temáticas cada vez mais abordadas. O não gerenciamento da qualidade de água deve ser interesse geral, pois dificulta o desenvolvimento, pressiona os serviços de atendimento à saúde pela ocorrência de doenças de veiculação hídrica, produz estresse econômico e social, aumenta a disparidade entre regiões e países, e coloca em risco a conservação da vida no planeta (Tundisi, 2005), além de aumentar a dificuldade na terapêutica de doenças bacterianas.

O aumento da densidade populacional e a rápida industrialização submetem o sistema hídrico a um constante melhoramento nos grandes centros urbanos, no entanto essa não é a realidade das microbacias urbanas que recebem o aporte de grande parte dos resíduos líquidos e sólidos produzidos pela população urbana (Moura *et al.*, 2021), gerando uma problemática que está atrelada ao crescimento populacional, mal-uso do solo e das áreas no entorno dos corpos hídricos, dessa forma as coleções hídricas se tornaram recursos onde ocorre a seleção e dispersão de bactérias resistentes.

A água doce, potável ou não, representa um recurso de grande relevância para o desenvolvimento da sociedade e alberga uma comunidade bastante diversa de microrganismos. A diminuição da qualidade da água, principalmente a utilizada para recreação, implica em grande risco a saúde tanto de banhistas como da população em geral, tornando-se veículo para circulação de uma grande quantidade de doenças, como gastroenterites, cólera, conjuntivites e dermatites (Castro *et al.*, 2007).

Segundo Santana (2006), a resistência bacteriana é a habilidade que algumas bactérias possuem de se contrapor à ação de antimicrobianos. Isso pode acontecer de forma natural (intrínseca) ou adquirida sendo propagada de forma vertical ou horizontal entre os microrganismos (Oliveira, 2009).

A resistência bacteriana no meio ambiente evoluiu e foi disseminada pelo uso indiscriminado dos antimicrobianos, seja por terapia humana, animal ou na agricultura, favorecendo a seleção de cepas multirresistentes espalhadas no meio ambiente (Alanis, 2005). Outro motivo responsável pelo aumento de bactérias multirresistentes é a capacidade que estes microrganismos têm de transmitir os genes de resistência para outra bactéria, até mesmo de espécies diferentes (Caumo *et al.*, 2010). Por não se degradarem em ambiente aquático os antibióticos podem se manter inalterados e ativos por tempo suficiente para realizar pressão seletiva em bactérias presentes neste ambiente. Por isso, o risco da existência de bactérias resistentes no ecossistema deve ser considerado e o consumo hídrico de fontes naturais sem um tratamento, constitui em uma ameaça potencial.

Desta forma, o presente trabalho busca estudar a diversidade e avaliar o perfil de resistência de bactérias isoladas de bacias e microbacias urbanas de Santarém, PA, Brasil.

CAPÍTULO 1 – DIVERSIDADE DE BACTÉRIAS CULTIVÁVEIS DE BACIA E MICROBACIA URBANA DE SANTARÉM, PARÁ, BRASIL

1.1 Introdução

Os meios bióticos e abióticos têm sofrido grandes impactos relacionados ao aumento populacional humano das últimas décadas. Como resultado da urbanização, ocorre a poluição de ambientes por agentes biológicos (Lescreck *et al.*, 2016).

A água é um dos principais recursos naturais e tem ação direta sobre a saúde, a qualidade de vida e o desenvolvimento das populações, pois é imprescindível para a manutenção da vida. Embora 80% da superfície terrestre seja composta de água, somente 2,5% desta é doce e 0,3% está em rios e lagos, sendo a fonte mais utilizada pelo ser humano (Zerwes *et al.*, 2015; Peil; Kuss; Gonçalves, 2015).

Os ecossistemas aquáticos são utilizados para diversas finalidades e dessa forma seu uso vem aumentando em todo o mundo em razão do crescimento populacional, como resultado maior pressão é realizada sobre esse ambiente, provocando sérios danos ao mesmo (Doubrawa, 2013).

Nas cidades brasileiras que possuem condições precárias de saneamento básico os corpos hídricos são os principais destinos dos efluentes domésticos e industriais não tratados é o maior motivo de poluição dos corpos hídricos (Carvalho, 2016). Essas situações podem ser encontradas em zonas rurais, mas, sobretudo em áreas urbanas devido o avanço e desordenado crescimento populacional (Wu *et al.*, 2011).

Alguns microrganismos são vistos como componentes-chave na organização e função dos ecossistemas aquáticos (Zehr, 2010). Como possuem a habilidade de reagir de forma ágil a alterações ambientais, são os encarregados de realizar os processos biogeoquímicos, como a metabolização do carbono orgânico dissolvido, que é essencial para o funcionamento do ecossistema (Hahn, 2006). A presença de microrganismos no ecossistema aquático também exerce a função de interagir com a fauna e a flora, ocasionando considerável relevância na cadeia alimentar, podendo também desempenhar um papel crucial na manutenção da vida aquática, pois reciclam elementos e nutrientes da água (Chao, 2003).

Neste capítulo analisamos a diversidade de bactérias cultiváveis isoladas de bacia e microbacia urbana de Santarém, a fim de compreender a composição da comunidade nos diferentes períodos sazonais e pontos amostrais.

1.2 Metodologia

1.2.1 Locais e coleta da amostra

O presente estudo foi realizado no município de Santarém-PA, localizado na latitude 2° 26' 22" sul, e na longitude 54° 41' 55" oeste compreendendo uma área de 17.898,389 km², onde abriga 308.339 habitantes (IBGE, 2021). Sua temperatura média anual varia de 25° a 28 °C, com grande umidade no ar. O período mais intenso de chuvas é chamado "inverno amazônico", que ocorre de dezembro a maio e os meses de junho a novembro correspondem ao período mais seco, o "verão regional" (Portal da Prefeitura Municipal de Santarém, 2017).

As coletas foram realizadas na bacia (ponto 1 – P1 e ponto 2 – P2) e microbacia (pontos 3 a 5) do rio Tapajós em área urbana e periurbana, respectivamente, nos períodos chuvoso e de estiagem (tabela 1). Foram coletadas amostras de água em pelo menos dois pontos diferentes ao longo do corpo hídrico. As coletas ocorreram pela manhã e as amostras de água foram acondicionadas sob refrigeração em frascos de vidro estéreis, até a chegada no laboratório para as análises microbiológicas.

Tabela 1- Pontos de amostragem e descrição do local

Ponto	Coordenadas geográficas	Descrição do ponto de amostragem
P1	2°41'9253"S 54°73'2209"W	Rio próximo ao centro da cidade de fácil acesso a população, local utilizado para atracação de barcos, atividades de contato primário e local de lançamento de esgoto in natura.
P2	2°41'8551"S 54°70.75.72"W	Rio próximo ao centro da cidade de fácil acesso a população, utilizado para recreação e local de lançamento de esgoto doméstico.
P3	2°28'53.2"S 54°49'08.2"W	Balneário com igarapé localizado em comunidade utilizado para recreação, próximo a estrada e residências.
P4	2°29'02.6"S 54°49'00.3"W	Balneário privado com igarapé localizado em comunidade utilizado para recreação, com casas em sua proximidade.

P5	2°28'59.2"S 54°49'00.3"W	Balneário privado com igarapé localizado em comunidade utilizado para recreação, com casas em sua proximidade.
-----------	-----------------------------	--

Fonte: Autor (2022)

1.2.2 Processamento da amostra e obtenção dos isolados bacterianos

Ao chegar no Laboratório de Bacteriologia (Labac/ICTA/UFOPA), as amostras de água passaram por diluições seriadas, onde 1mL foi transferido para tubo de ensaio com 9mL de salina 0,85% estéril que corresponde a diluição 10^{-1} após a homogeneização em tubo de ensaio, foi transferido 1 mL para outro tubo contendo 9 mL de salina 0,85% onde se obteve a diluição 10^{-2} e assim sucessivamente até a diluição 10^{-5} .

Para o isolamento das bactérias, a inoculação da amostra diluída foi feita em placa de Petri utilizando a técnica de *pour plate* em duplicatas no meio de cultura Plate Count Agar (PCA-Kasvi®). Após a inoculação, as placas foram incubadas na temperatura de 35 °C por 24-48h, por conseguinte, foram escolhidas e retiradas colônias com auxílio de agulha bacteriológica e repassadas para tubos de ensaio contendo o meio Triptona Soja Ágar (TSA – Kasvi ®) seguidas de incubação em estufa bacteriológica a $35^{\circ}\text{C} \pm 0,5^{\circ}\text{C}$ por 24 horas, a fim de obter o crescimento na forma de cultura isolada (Cetesb, 2006).

Figura 1: Preparo das diluições.



Fonte: Autor (2021)

Figura 2: Placa com crescimento bacteriano.



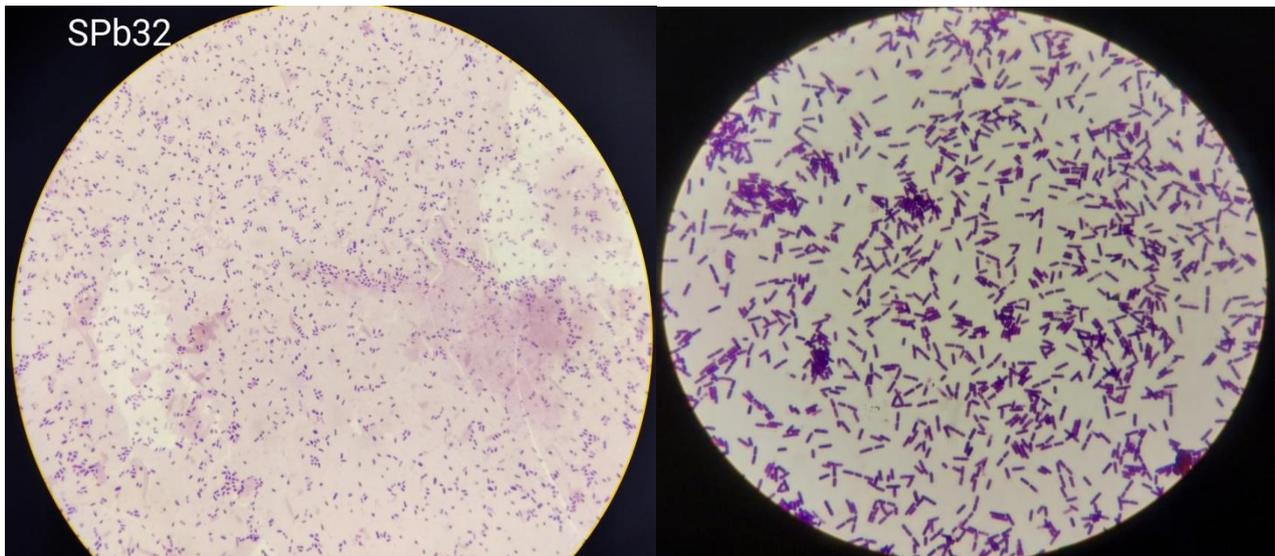
Após a obtenção dos isolados bacterianos

Fonte: Autor (2021)

dos cultivos primários em tubos contendo meio TSA e mantidos até a realização dos testes bioquímicos para a identificação.

Posteriormente foram realizados testes de pureza dos isolados foi observada pela coloração de Gram e, a morfologia e tipo de parede pela microscopia.

Figura 3: Microscopia após coloração de Gram.



Fonte: Autor (2021)

A identificação taxonômica dos isolados foi realizada com auxílio da chave bioquímica, que envolveu entre os testes: anaerobiose, coloração ácida Ziehl-Neelsen (ZN), catalase, coagulase fermentação em Ágar Manitol fermentação de carboidratos (lactose, sacarose, glicose), produção de H₂S, a fim de chegar ao menor nível taxonômico de acordo com Bergey *et al.*, (2000).

1.2.3 Análise estatística

Para avaliar a diversidade de gêneros entre os diferentes pontos amostrais foi realizado o Índice de Simpson. O teste T para duas amostras foi utilizado para comparar as médias dos períodos sazonais (chuvosa e estiagem) em relação ao número de amostras identificadas. Todas as análises estatísticas foram realizadas no programa RSTUDIO (R Core Team, 2022) a nível de significância de 95% ($\alpha=0,05$).

1.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

1.3.1 Caracterização fenotípica dos isolados bacterianos

Após o isolamento foram obtidas 140 cepas, destas 129 foram VNC (viáveis e não cultiváveis). Do total de cepas e realização da coloração de Gram foram observadas 121 cepas Gram positivas e 8 cepas Gram negativas que foram identificadas, podendo ser observado na tabela 2.

Tabela 2: Números de cepas identificadas (n) e frequência de ocorrência (%) dos isolados bacterianos no período de estiagem.

Táxon	ESTIAGEM					%	Total (n)
	P1	P2	P3	P4	P5		
<i>Corynebacterium</i> sp.	4	7	5	3	0	34	19
<i>Clostridium</i> sp.	7	4	3	3	7	39	22
<i>Lactobacillus</i> sp.	5	0	4	4	0	21	12
<i>Staphylococcus</i> sp.	0	0	0	0	0	0	0
<i>Staphylococcus aureus</i>	0	0	1	0	0	2	1
<i>Serratia</i> sp.	0	0	0	0	0	0	0
<i>Yersinia</i> sp.	0	0	0	2	0	4	2
<i>Shigella</i> sp.	0	0	0	0	0	0	0
							56

Fonte: Autor (2022)

Tabela 3: Números de cepas identificadas (n) e frequência de ocorrência (%) dos isolados bacterianos no período chuvoso

Táxon	CHUVOSO					%	Total (n)
	P1	P2	P3	P4	P5		
<i>Corynebacterium</i> sp.	13	10	4	1	3	45	33
<i>Clostridium</i> sp.	12	1	1	0	2	22	16
<i>Lactobacillus</i> sp.	2	0	1	0	0	4	3
<i>Staphylococcus</i> sp.	0	0	1	4	1	8	6
<i>Staphylococcus aureus</i>	0	0	1	6	2	12	9
<i>Serratia</i> sp.	0	0	2	0	1	4	3
<i>Yersinia</i> sp.	0	0	1	0	0	1	1
<i>Shigella</i> sp.	0	0	2	0	0	3	2
							73

Fonte: Autor (2022)

Os gêneros dominantes foram *Corynebacterium* sp., seguido de *Clostridium*

sp. e *Lactobacillus* sp. que estavam distribuídos em todos os pontos e períodos amostrados.

E os gêneros bacterianos como *Serratia* sp, *Yersinia* sp. e *Shigella* sp., assim como *Staphylococcus* sp. e *Staphylococcus aureus* foram encontrados somente nos pontos P3, P4 e P5.

Quando comparada a diversidade de gênero nos diferentes pontos amostrais através do Índice de Simpson, foi possível constatar que os pontos P1 e P2 (64% e 53%, respectivamente) apresentaram menor dominância, logo possuem maior diversidade de gêneros.

Já os pontos P3, P4 e P5 apresentaram maior dominância de espécies (79%), portanto, menor diversidade.

Estudos feitos por Lobova *et al.*, (2002) mostram que durante o verão e inverno observa-se que o número de cepas isoladas no ambiente aquático pode ser diverso, pois ocorre um aumento do aporte alóctone, tanto pela maior quantidade de turistas (verão), quanto pela intensidade de chuvas no inverno

Apesar do número cepas isoladas ser maior no período chuvoso (n=73) quando comparado ao período de estiagem (n=56), o teste T mostrou que não houve diferença significativa nos pontos amostrais.

A maior quantidade de bactérias na água durante o período chuvoso é também um fator preocupante especialmente se houverem microrganismos patogênicos, pois a água serve como um condutor e adentra nas camadas permeáveis do solo atingindo os aquíferos que são compartilhados por poços dentro da mesma vizinhança (McBenedict *et al.*, 2019).

Segundo Vilanova *et al.*, (2002) é normal encontrar espécies variadas em águas residuárias urbanas ou rurais, principalmente quando recebe resíduos oriundos de diversas fontes, como o esgoto doméstico *in natura*. A identificação de estirpes microbianas existentes nesse ecossistema é importante, pois nos dá informações sobre fontes poluidoras de ambientes aquáticos.

Dos gêneros mais frequentes nesta pesquisa, observa-se *Corynebacterium* que pertence ao filo Actinobacteria, pode ser encontrado em solos, esgotos, superfícies vegetais e também faz parte da microbiota nativa da pele e mucosa de animais e humanos (Oliveira *et al.*, 2016; Alibi *et al.*, 2017; Araújo *et al.*, 2018). As espécies desse gênero são bastonetes Gram-positivos, imóveis, não esporulados, apresentando crescimento aeróbico e produtores da enzima catalase. Este gênero

possui espécies patogênicas, oportunistas e simbiotes, entre as patogênicas temos como principal a *C. diphtheriae*, causadora da difteria (Pavlov, 2004; Eggeling *et al.*, 2008; Bernard, 2005, 2012), e não patogênicas e ou simbiotes pode ser mencionada a *C. glutamicum*, cujas cepas são amplamente utilizadas na produção de aminoácidos e, para finalidades biotecnológicas (Oliveira *et al.*, 2017).

A difteria é causada pela produção de toxina diftérica (DT) por cepas de *C. diphtheriae* que contenham o gene, durante infecções. A toxina diftérica é o principal fator de virulência responsável por doenças respiratórias, neuro ou sintomas cardiopatológicos, causando pseudo-membranas, paralisia e insuficiência cardíaca nos pacientes acometidos por esta bactéria (Plotkin, 2017).

McBenedict *et al.*, (2019) também isolaram de água de poço em vários pontos na Namíbia, espécies de *Corynebacterium*, como *C. amycolatum*, *C. falsenii*, *C. jeikeium* e *C. mucifaciens*, e Bedoya *et al.* (2022), isolaram cepas deste gênero em amostras de água em área rural da Colômbia e chamam atenção para o potencial patogênico destas (Du *et al.*, 2010; Yuli *et al.*, 2018). Na presente pesquisa foram identificadas 52 cepas pertencentes a este gênero, acreditamos que o investimento de recursos, tempo e com auxílio da ferramenta molecular seria possível esclarecer sobre a presença de cepas patogênicas, oportunistas ou simbiotes que coexistem nesses ambientes.

O segundo gênero mais frequente nesta pesquisa foi *Clostridium*, que é caracterizado por apresentar forma de bacilo gram-positivo esporulado, podendo ser anaeróbico obrigatório e outros aerotolerantes. Suas espécies estão amplamente distribuídas pela natureza, em solos, vegetação, sedimentos marinhos e no intestino (Dürre 2008; Biberstein *et al.*, 2012c). A maioria das espécies pode não ser patogênica, mas outras podem causar infecções endógenas, e até mesmo patógenas produtoras de potentes toxinas (Ferreira *et al.*, 2015). Grande parte dos estudos realizados com este gênero é de importância clínica, pois está associada a patógenos humanos e animais, encontrado apenas em uma pequena parcela de amostras ambientais (Bernard, 2015).

No entanto, este microrganismo pode apresentar papel agroecológico, pois possui um grande potencial para produzir biocombustíveis e energia através de processos biológicos, possuindo chances de converter recursos de biomassa em energia e combustível através da tecnologia de fermentação (Luo *et al.*, 2018).

Segundo pesquisa realizada por Yu *et al.*, (2021) com águas residuais de

sistema de tratamento de circulação lagoa-vala em área rural na China, o gênero *Clostridium* representou um dos três mais abundantes nas amostras, e os autores concluíram que ele é o grande responsável pela remoção de N e P, demonstrando um potencial uso dessa bactéria em sistemas de remoção de nutrientes em larga escala e aplicações de tratamento de águas residuais.

A espécie de *C. perfringens* tem sido relatada como indicador não usual, mas eficiente para monitoramento de contaminação entérica humana. Devemos ressaltar que esta bactéria está associada à sua expressão de múltiplas toxinas, o estudo realizado em no Lago Michigan mostrou evidências de que a água doce, sedimentos suspensos e afluentes de esgoto servem como reservatórios para cepas de *C. perfringens* toxigênicas (Mueller-Spitz *et al.*, 2010).

Entre os gêneros mais abundantes neste trabalho também nota-se os lactobacilos que são bastonetes Gram-positivos não formadores de esporos, sendo a maioria microaerófila, embora alguns sejam anaeróbios obrigatórios, são catalase-negativas e obtêm sua energia pela fermentação de açúcares, produzindo uma variedade de ácidos, álcool e dióxido de carbono (Holzapfel *et al.*, 2001).

O gênero *Lactobacillus* sp. possui ampla distribuição na natureza, raramente causam infecções em humanos, estando presente em alimentos e vitaminas, por revelarem caracteres fisiológicos específicos tanto no rendimento metabólico, quanto em características probióticas, são muito utilizados em alimentos fermentados (Lópes-Dias *et al.*, 2000; Rodríguez *et al.*, 2009; Ribeiro, 2012).

Os probióticos fazem parte do microbioma humano e ambiental, sendo considerados como microrganismos vivos que quando consumidos adequadamente trazem benefícios à saúde (Hill *et al.*, 2014), como *L. casei* e *L. acidophilus*. *Lactobacillus* sp. fazem parte do grupo das bactérias do ácido láctico, muito estudadas a respeito de suas propriedades probióticas do microbioma humano e animal, assim como das propriedades antimicrobianas (Barko *et al.*, 2018; Pitri *et al.*, 2021).

O uso de probióticos também se tornou uma alternativa para a diminuição do uso de antibióticos em suinoculturas, pois estes compõem uma alimentação que pode modular a microbiota intestinal beneficiando o animal, assim evitando o uso de fármacos e que águas com resíduos escoem para rios e lagoas (Pruden *et al.*, 2013; Visschers *et al.*, 2014; Pan, *et al.*, 2017).

Os gêneros bacterianos da família Enterobacteriaceae como *Serratia* sp,

Yersinia sp. e *Shigella* sp. e da família Staphylococcaceae com os gêneros *Staphylococcus* sp. e *Staphylococcus aureus* foram encontrados somente na área periurbana do município.

As espécies do gênero *Staphylococcus* sp., são versáteis e encontrados por toda a natureza, em diversos tipos de ambientes e condições físico-químicas. Fazem parte microbiota indígena da pele, mucosas do homem e de animais, e podem contaminar água e alimentos (Trabulsi; Alterthum, 2008). Nesta pesquisa este gênero foi isolado apenas das amostras do período chuvoso.

Os estafilococos são divididos com base na sua habilidade de coagular o plasma, podendo ser coagulase positiva (SCP) e coagulase negativa (SCN). Entre estas categorias pode-se observar o *Staphylococcus aureus*, que é coagulase positiva e possui a capacidade de colonizar indivíduos saudáveis sendo capazes de habitar em mucosas, no intestino, pele, vagina e mãos. Sua adaptação e disseminação nos ambientes pode estar atrelada ao fato de formarem ou estarem inseridos em biofilme. As infecções relacionadas ao *S. aureus* podem ser nocivas devido seus fatores de virulência e sua capacidade de resistência antimicrobiana (Trabulsi; Alterthum, 2017; Acosta, 2017).

Há poucos estudos que investiguem a presença de *Staphylococcus aureus* em ambiente aquático, entretanto Matouke e Nour (2019) isolaram esta bactéria de amostras de água de lagos de cultivo de tilápia na Nigéria. Devido ao elevado percentual de cepas resistentes, os autores fazem a recomendação de monitoramento e tratamento da água caso esta venha a ser utilizada para consumo humano de forma a evitar a infecção e contaminação pelo microrganismo.

A família Enterobacteriaceae pertence à divisão Proteobacteria, classe Gammaproteobacteria, são formadas por um grupo diverso de bactérias Gram-negativas, anaeróbicas facultativas em forma de bastonetes não formadores de esporos (Adeolu *et al.*, 2016). Por serem dispersos na natureza esse grupo pode ser muito encontrado na água, em plantas, solo e na microbiota do trato intestinal dos animais. Tem grande relevância médica, pois podem ser bactérias patogênicas e apresentam resistência a antimicrobianos (Andrade, 2008; Dos Santos *et al.*, 2015). Neste trabalho foram identificados a nível de gênero *Serratia* sp., e a nível de espécie foram identificadas *Shigella sonnei* e *Yersinia pestis*.

O gênero *Serratia* tem como características bactérias aeróbicas e anaeróbicas facultativas capazes de produzir enzimas como lipase, DNase e

gelatinase, as diferenciando dos outros gêneros família Enterobacteriaceae. Podem sintetizar metabolitos secundários como antibióticos, pigmentos na cor vermelha e surfactantes com grande eficiência na indústria farmacêutica ou na biorremediação ambiental (Wei, 2018; Lai, 2006). A principal espécie do gênero *Serratia* que causa doenças humanas é a *S. marcescens* (Dos Santos *et al.*, 2015). Quando descobertos, esses microrganismos eram tidos como aquáticos saprófitos e sem patogenicidade, sendo frequentemente utilizados como marcadores biológicos por apresentarem como característica colônias vermelhas de fácil identificação (Hejazi; Falkiner, 1997). Nos dias atuais essa espécie está associada a infecções hospitalares, correspondendo a causa de diversas doenças, do trato respiratório, urinário, septicemia, meningite, endocardite infecciosa e infecções de feridas (Mills; Drew, 1976; Hejazi; Falkiner, 1997; Cox, 1985).

O gênero *Yersinia*, é composto por 11 espécies, das quais 3 são patógenos humanos (*Y. pestis*, *Y. pseudotuberculosis* e *Y. enterocolitica*). Esse gênero é caracterizado por bactérias Gram negativas que não formam esporo, espécies como *Y. enterocolitica* e *Y. pseudotuberculosis* são consideradas patógenos entéricos e podem penetrar na parede intestinal, invadindo os linfonodos, com um mecanismo de patogenicidade ainda não conhecido (Wanger, 2007). A espécie *Y. enterocolitica* é capaz de produzir uma enterotoxina que ajuda no aparecimento da diarreia, podendo causar gastroenterites com sintomas de diarreia, febre e dor abdominal (Falcão; Falcão, 2006).

A *Y. pestis* foi a causa da peste negra, foi isolada e descrita em 1894 por Alexandre Yersin durante um surto em Hong Kong. É considerada uma das doenças mais antigas e infecciosas já conhecidas, normalmente é transmitida através de pulgas infectadas com sangue de roedores contaminados (Achtman *et al.*, 1999).

Espécies do gênero *Shigella* são células bacterianas caracterizadas como bastonetes Gram negativos e não esporulados, sendo um anaeróbio facultativo e enteroinvasivo (The *et al.*, 2016). Esse gênero é composto por 4 espécies diferentes: *Shigella dysenteriae*, *Shigella flexneri*, *Shigella Boydii* e *Shigella sonnei* (Franco; Landgraf, 2005). A carência de saneamento básico e presença no ambiente de esgotos sem tratamento têm sido as principais causas de infecções por essas espécies, como doenças intestinais que pode ocorrer através da ingestão de água e alimentos contaminados (Mani; Wierzba; Walker, 2016). A

shigelose é uma doença gastrointestinal inflamatória aguda, que pode eventualmente afetar adultos, mas que afeta principalmente crianças de zero até dez anos de idade, em países em desenvolvimento socioeconômico (Sangeetha *et al.*, 2014).

Foram encontrados neste estudo gêneros bacterianos patogênicos e não patogênicos. A principal explicação para o registro de táxons com potencial patogênico é a evidente presença de efluentes que são diariamente despejados nessas águas, muitas vezes sem o tratamento necessário, tornando esse ambiente um potencial transmissor de doenças e reservatório para estes microrganismos. Grande parte dos microrganismos que transmitem doenças através da água ou do esgoto é de origem entérica, ou seja, tem origem fecal, nos rios essas cepas bacterianas podem entrar em contato com substâncias e com metais, proporcionando ambiente de pressão seletiva para a resistência antimicrobiana em bactérias.

Dessa forma, é importante continuar realizando estudos para investigar a diversidade bacteriana da água, pois os microrganismos ali presentes podem ser utilizados para avaliar a qualidade microbiológica desses ambientes.

CONCLUSÃO

Os resultados desta pesquisa revelaram que os gêneros mais frequentes foram, *Corynebacterium*, *Clostridium* e *Lactobacillus*. Ressalta-se a necessidade de investigação com a inclusão de ferramentas para a identificação molecular a nível de espécies, haja vista que os dois gêneros mais frequentes oferecem risco a saúde humana, aliado

O período chuvoso revelou ser o mais numeroso, tanto ao número de indivíduos por táxon como foi o mais diverso nesse período.

S. aureus foi registrado apenas nesse período, o que deve ser melhor investigado do ponto de vista do potencial disseminador de cepas resistentes a antimicrobianos, uma vez que esta bactéria quando resistente oferece iminente perigo de saúde humana, preferencialmente quando em um dos locais amostrados nesse recurso hídrico é utilizado para fins de consumo.

REFERENCIAS

- Achtman, M.; Zurth, K; Morelli, G.; Torrea, G.; Guiyoule, A.; & Carniel, E. *Yersinia pestis*, the cause of plague, is a recently emerged clone of *Yersinia pseudotuberculosis*. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 96, n. 24, p. 14043-14048, 1999.
- Acosta, A. C.; Costa, M. M.; Junior, J. W. P.; & Mota, R. A. Fatores de virulência de *Staphylococcus aureus*. **Medicina Veterinária (UFRPE)**, v. 11, n. 4, p. 252-269, 2017.
- Adeolu, M., Alnajar, S., Naushad, S., & Gupta, RS. Filogenia baseada no genoma e taxonomia de 'Enterobacteriales': proposta para Enterobacterales ord. nov. dividido nas famílias Enterobacteriaceae, Erwiniaceae fam. nov., Pectobacteriaceae fam. nov., Yersiniaceae fam. nov., Hafniaceae fam. nov., família Morganellaceae. nov., e Budviciaceae fam. nov. **Jornal internacional de microbiologia sistemática e evolutiva** , v. 66, n. 12, pág. 5575-5599, 2016.
- Alanis, A. J. Resistance to antibiotics: are we in the post-antibiotic era?. **Archives of medical research**, v. 36, n. 6, p. 697-705, 2005.
- Alibi, S.; Ferjani, A.; Boukadida, J.; Cano, M. E.; Fernández-Martínez, M.; Martínez-Martínez, L.; & Navas, J. Occurrence of *Corynebacterium striatum* as an emerging antibiotic-resistant nosocomial pathogen in a Tunisian hospital. **Scientific reports**, v. 7, n. 1, p. 1-8, 2017.
- Araújo, C. L.; Alves, J.; Lima, A.; Dias, L.; Silva, P.; Marques, J.; ... & Folador, A. The Genus *Corynebacterium* in the Genomic Era. In: **Basic Biology and Applications of Actinobacteria**. London, UK: IntechOpen, 2018.
- Barko, P. C.; McMichael, M. A.; Swanson, K. S.; & Williams, D. A. The Gastrointestinal Microbiome: A Review. *Journal of Veterinary Internal Medicine*, v. 32, n. 1, p. 9–25, 2018.
- Bergey, D.H.; Holt, J.G., 2000. *Bergey's manual of determinative bacteriology*. 9th ed. Philadelphia: Lippincott Williams & Wilkins.
- Bernard, K. *Corynebacterium* species and coryneforms: an update on taxonomy and diseases attributed to these taxa. **Clinical Microbiology Newsletter**, v. 27, n. 2, p. 9-18, 2005.
- Bernard, K. A.; Funke, G. *Corynebacterium*. **Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria** , p. 1-70, 2015.
- Bernard, K. The genus *Corynebacterium* and other medically relevant coryneform-like bacteria. **Journal of clinical microbiology**, v. 50, n. 10, p. 3152-3158, 2012.
- Biberstein, E. L.; HIRSH, D. C. *Estreptococos*. In: HIRSH, D. C.; ZEE, Y. C.. *Microbiologia Veterinária*. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2012a. p.113-118.
- de Paula C. A.; Balduino, Â. R.; Maciel, G. F.; & Picanço, A. P. Avaliação da poluição

em rios utilizando índices de qualidade da água: um estudo de caso no Ribeirão São João em Porto Nacional–TO. **Geosciences= Geociências**, v. 35, n. 3, p. 472-484, 2016.

Du, Z. J.; Jordan, E. M.; Rooney, A. P.; Chen, G. J.; & Austin, B. *Corynebacterium marinum* sp. nov. isolados de sedimentos costeiros. **Jornal internacional de microbiologia sistemática e evolutiva**, v. 60, n. 8, pág. 1944-1947, 2010.

Caumo, K.; Duarte, M.; Cargnin, S. T.; Ribeiro, V. B.; Tasca, T.; & Macedo, A. J. Resistência bacteriana no meio ambiente e implicações na clínica hospitalar. **Revista Liberato**, v. 11, n. 16, p. 179-186, 2010.

Chao, Kuo-Kuang; CHAO, Chen-Ching; CHAO, Wei-Liang. Suitability of the traditional microbial indicators and their enumerating methods in the assessment of fecal pollution of subtropical freshwater environments. **Journal of microbiology, immunology, and infection= Wei mian yu gan ran za zhi**, v. 36, n. 4, p. 288-293, 2003.

Cox, Clair E. Aztreonam therapy for complicated urinary tract infections caused by multidrug-resistant bacteria. **Reviews of Infectious Diseases**, v. 7, n. Supplement_4, p. S767-S771, 1985.

Doubrawa, B. Dinâmica da cobertura florestal e dos estoques de carbono na bacia hidrográfica do Rio: 2000 a 2010. 2013.

Dürre, P. The Genus *Clostridium*. In: GOLDMAN, E.; GREEN, L. H.. *Practical Handbook of Microbiology*. Washington: CRC Press Taylor & Francis Group, 2008. p.339-353. DOI:

Eggeling, L.; BOTT, M. The Genus *Corynebacterium*. In: GOLDMAN, E.; GREEN, L. H.. *Practical Handbook of Microbiology*. Washington: CRC Press Taylor & Francis Group, 2008. p.355-374

Falcão, J. P.; Falcão, D. P. Importância de *Yersinia enterocolitica* em microbiologia médica. **Revista de Ciências Farmacêuticas Básica e Aplicada**, v. 27, n. 1, 2006.

Ferreira, M. C. S.; Domingues, R. M. C. P.; Lobo, L. A.; Ferreira, E. O. *Clostridium*. In: TRABULSI, L. R.; ALTERTHUM, F.. *Microbiologia*. São Paulo: Atheneu, 2015. p.449-456.

Hahn, M. W. The microbial diversity of inland waters. **Current opinion in biotechnology**, v. 17, n. 3, p. 256-261, 2006.

Hejazi, A.; Falkiner, FR. *Serratia marcescens*. **Jornal de microbiologia médica**, v. 46, n. 11, pág. 903-912, 1997.

Hill, C.; Guarner, F.; Reid, G.; Gibson, G. R.; Merenstein, D. J.; Pot, B.; ... & Sanders, M. E. Expert consensus document: The International Scientific Association for Probiotics and Prebiotics consensus statement on the scope and appropriate use of

the term probiotic. **Nature reviews Gastroenterology & hepatology**, 2014.

Holzapfel, W. H., Haberer, P., Geisen, R., Björkroth, J., & Schillinger, U. . Taxonomy and important features of probiotic microorganisms in food and nutrition. **The American journal of clinical nutrition**, v. 73, n. 2, p. 365s-373s, 2001.

IBGE – Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Cidades e estados: Santarém, Pará. 2021 Disponível em< <https://www.ibge.gov.br/cidades-e-estados/pa/santarem.html> >. Acessado em: 20 de outubro de 2022

Lévi-Strauss, C. **O cru e o cozido**. Editora Schwarcz-Companhia das Letras, 2021.

Lescreck, M. C.; Petroni, R. G. G.; Cortez, F. S.; Santos, A. R.; Coutinho, P. O.; & Pusceddu, F. H. Análise da qualidade sanitária da areia das praias de Santos, litoral do estado de São Paulo. **Engenharia Sanitaria e Ambiental**, v. 21, p. 777-782, 2016.

Lobova, T. I.; Barkhatov, Yu V.; Popova, L. Yu. Resistência a antibióticos de bactérias heterotróficas no lago Shira: impactos naturais e antropogênicos. **Ecologia microbiana aquática** , v. 30, n. 1, pág. 11-18, 2002.

Luo, W.; Zhao, Z.; Pan, H.; Zhao, L.; Xu, C.; Yu, X. Viabilidade da produção de butanol a partir de amido de trigo águas residuais por *Clostridium acetobutylicum*. **Energia** 154, 240e248

Mani, S.; Wierzba, T.; Walker, R. I. Status of vaccine research and development for *Shigella*. **Vaccine**, v. 34, n. 26, p. 2887-2894, 2016.

Matouke, M. M.; Nour, K. Characterization of antibiotic-resistant *Staphylococcus aureus* from gills and gastro-intestinal tracts of catfish (*Clarias gariepinus*), and water samples from Jabi Lake, Abuja, Nigeria. **African Journal of Clinical and Experimental Microbiology**, v. 20, n. 3, p. 231-236, 2019.

McBenedict, B e cols. Riscos sazonais à saúde devido a patógenos zoonóticos de água de poço cavada à mão nas regiões de Ohangwena e Omusati da Namíbia. **J. Pure Appl. Microbiol** , v. 13, pág. 1583-1593, 2019.

Mueller-Spitz, S. R.; Stewart, L. B.; Klump, J. V.; & McLellan, S. L. Freshwater suspended sediments and sewage are reservoirs for enterotoxin-positive *Clostridium perfringens*. **Applied and environmental microbiology**, v. 76, n. 16, p. 5556-5562, 2010.

Mills, J.; Drew, D. Endocardite por *Serratia marcescens*: uma doença regional associada ao abuso de drogas intravenosas. **Anais de medicina interna** , v. 84, n. 1, pág. 29-35, 1976.

Pavlov, D.; De Wet, C. M. E.; Grabow, W. O. K.; & Ehlers, M. M. Potentially pathogenic features of heterotrophic plate count bacteria isolated from treated and untreated drinking water. **International journal of food microbiology**, v. 92, n. 3, p. 275-287, 2004.

Pan, L.; Zhao, P. F.; Ma, X. K.; Shang, Q. H.; Xu, Y. T.; Long, S. F.; ... & Piao, X. S.

Probiotic supplementation protects weaned pigs against enterotoxigenic *Escherichia coli* K88 challenge and improves performance similar to antibiotics. **Journal of animal science**, v. 95, n. 6, p. 2627-2639, 2017.

Peil, G. H. S.; Kuss, A. V.; Gonçalves, M. C. F. Avaliação da Qualidade Bacteriológica da Água Utilizada Para Abastecimento Público no Município de Pelotas–RS–Brasil. **Ciência e Natura** , v. 37, n. 1, pág. 79-84, 2015.

Perdomo, D. M. X.; de Castro, F. P.; Durigon, V.; Tavares, G. M. D.; & de Medeiros, J. T. Avaliação da qualidade da água consumida na zona rural da região centro do estado do Rio Grande do Sul. **Infarma-Ciências Farmaceuticas**, v. 18, n. 09/10, p. 3-6, 2006.

Pitri, R. A.; Suyanti, E.; Septayani, S.; & Lokapirnasari, W. P. The effect Moringa oleifera leaf extract and *Lactobacillus acidophilus* supplementation on crude protein and crude fat retention in Tambaqui, *Colossoma macropomum*. In: **IOP Conference Series: Earth and Environmental Science**. IOP Publishing, 2021. p. 012057.

Pruden, A.; Larsson, D. J.; Amézquita, A.; Collignon, P.; Brandt, K. K.; Graham, D. W.; ... & Zhu, Y. G. Management options for reducing the release of antibiotics and antibiotic resistance genes to the environment. **Environmental health perspectives**, v. 121, n. 8, p. 878-885, 2013.

Tundsi, J. G. **Águas do século XXI**. São Carlos: RIMA, 2ed, 2005.

R Core Team. 2022. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>.

Ribeiro, M. C. D. O. Caracterização do *Pediococcus acidilactic* b14 quanto às propriedades probióticas e sua associação com *Lactobacillus acidophilus* ATCC 4356 com aplicação em sobremesa com soja aerada potencialmente simbiótica. 2012.

Riegel, P.; Ruimy, R.; De Briel, D.; Prévost, G.; Jehl, F.; Christen, R.; & Monteil, H. Taxonomy of *Corynebacterium diphtheriae* and related taxa, with recognition of *Corynebacterium ulcerans* sp. nov. nom. rev. **FEMS microbiology letters**, v. 126, n. 3, p. 271-276, 1995.

Rodríguez, H.; Curiel, J.A.; Landete, J.M.; Rivas, B. DE; Felipe, F.; L. DE; Gómez, C.; Mancheño, J.M.; Muñoz, R. Foods phenolics and lactic acid bacteria. *International Journal of Food Microbiology*, v.132, p.79-90, 2009

Santana, V. C. O papel dos antibióticos na resistência bacteriana. **Revista Cesumar–Ciências Humanas e Sociais Aplicadas**, v. 11, n. 1, p. 129-138, 2006.

Sangeetha, A. V.; Parija, S. C.; Mandal, J.; & Krishnamurthy, S. Clinical and microbiological profiles of shigellosis in children. **Journal of health, population, and nutrition**, v. 32, n. 4, p. 580, 2014.

The, H. C.; Thanh, D. P.; Holt, K. E.; Thomson, N. R.; & Baker, S. The genomic signatures of *Shigella* evolution, adaptation and geographical spread. **Nature**

Reviews Microbiology, v. 14, n. 4, p. 235-250, 2016.

Trabulsi, L.R.; Alterthum, F. *Microbiologia*. 8 ed. Rio de Janeiro: Saraiva, 2017.

Vilanova, X Manero, A.; Cerdà-Cuéllar, M.; & Blanch, A. R. The effect of a sewage treatment plant effluent on the faecal coliforms and enterococci populations of the reception river waters. **Journal of Applied Microbiology**, v. 92, n. 2, p. 210-214, 2002.

Visschers, V. H.; Iten, D. M.; Riklin, A.; Hartmann, S.; Sidler, X.; & Siegrist, M. Swiss pig farmers' perception and usage of antibiotics during the fattening period. **Livestock Science**, v. 162, p. 223-232, 2014.

Oliveira, A.; Oliveira, L. C.; Aburjaile, F; Benevides, L.; Tiwari, S.; Jamal, S. B.; ... & Wattam, A. R. Insight of genus *Corynebacterium*: ascertaining the role of pathogenic and non-pathogenic species. **Frontiers in microbiology**, v. 8, p. 1937, 2017.

Oliveira, C. F. D.; Forno, N. L. F. D.; Alves, I. A.; Horta, J. A.; Rieger, A.; & Alves, S. H. Prevalência das famílias TEM, SHV e CTX-M de β -lactamases de espectro estendido em *Escherichia coli* e *Klebsiella* spp no Hospital Universitário de Santa Maria, Estado do Rio Grande do Sul. **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical**, v. 42, p. 556-560, 2009.

Oliveira, A.; Teixeira, P.; Azevedo., M; Jamal, S. B.;Tiwari, S.; Almeida, S.; ... & Azevedo, V. *Corynebacterium pseudotuberculosis* may be under anagenesis and biovar *Equi* forms biovar *Ovis*: a phylogenetic inference from sequence and structural analysis. **BMC microbiology**, v. 16, n. 1, p. 1-11, 2016.

Orenstein, W.; Offit, P. A.; Edwards, K. M.; & Plotkin, S. A. **Vacinas-Inkling Enhanced E-Book de Plotkin** . Elsevier Health Sciences, 2017.

Wanger, A. *Yersinia*. In: MURRAY, P.R.; BARON, E.J.; JORGENSEN, J.H.; LANDRY, M.L.; PFALLER, M.A. *Manual of Clinical Microbiology*, 9th ed. American Society for Microbiology: Washington, 2007, v. 1, cap. 44, p. 688-697.

Wei, Y.; Fang, J.; Xu, Y.; Zhao, W.; & Cao, J. *Corynebacterium hadale* sp. nov. isolated from hadopelagic water of the New Britain Trench. **International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology**, v. 68, n. 5, p. 1474-1478, 2018.

Wu, J.; Long, S. C.; Das, D.; & Dorner, S. M. Are microbial indicators and pathogens correlated? A statistical analysis of 40 years of research. **Journal of water and health**, v. 9, n. 2, p. 265-278, 2011.

Zehr, J. P. Microbes in Earth's aqueous environments. **Frontiers in Microbiology**, v. 1, p. 4, 2010.

Zerwes, C. M.; Secchi, M. I.; Calderan, T. B.; de Bortoli, J.; Tonetto, J. F.; Toldi, M.; ... & de Santana, E. R. R. Análise da qualidade da água de poços artesianos do município de Imigrante, Vale do Taquari/RS. **Ciência e Natura**, v. 37, n. 3, p. 651-663, 2015.

CAPÍTULO 2- PERFIL DE RESISTÊNCIA DE BACTÉRIAS CULTIVÁVEIS DE BACIA E MICROBACIA URBANA DE SANTARÉM, PARÁ, BRASIL

2. 1 Introdução

A resistência bacteriana aos antimicrobianos é um problema em crescimento que está entre os debates e diretrizes de saúde pública no mundo. Nos dias de hoje, essa resistência é um grave problema de saúde pública, pois bactérias que antes eram sensíveis aos fármacos disponíveis, estão se tornando resistentes a estes antimicrobianos. A resistência é um fenômeno que capacita a bactéria a resistir ao ataque de medicações que antes tinham efeito terapêutico e os tornam ineficazes (Who, 2021).

A capacidade da bactéria em resistir aos antimicrobianos, é uma condição que está contida nos genes do microrganismo, pode ser disseminada em todos os ambientes. Os ambientes aquáticos são vistos como local de grande potencial de dispersão de cepas resistentes aos antibióticos entre indivíduos e animais, de forma cruzada. As formas de estabelecer a resistência em bactérias podem se dar quando genes de resistência são introduzidos em um ecossistema, e por processos como transformação, mudam a microbiota ambiental indígena e aumentam as chances de surgirem cepas resistentes ou multirresistentes (Resende *et al.*, 2020). Fazem parte de ambientes aquáticos vários ecossistemas como rios, lagos, estuários, mares e oceanos. Regiões que possuem água doce são tidas como os habitats naturais que possuem a mais abundante diversidade bacteriana (Sieber *et al.*, 2020).

Segundo Martinez e Baquero (2014), algumas bactérias encontradas na água não são naturais deste ambiente, e sim transportadas por animais, vegetais ou de solo superficial arrastado pela chuva, sendo então consideradas exógenas e transitórias. Desta forma a resistência a antibióticos em ambientes aquáticos tem sido alvo no mundo todo de várias investigações, e em vários ambientes aquáticos, como nos rios e áreas costeiras, esgoto doméstico, esgoto hospitalar, sedimentos de corpos aquáticos, águas superficiais, lagos, oceanos e água potável (Martinez *et al.*, 2015).

De acordo com a Organização Mundial da Saúde (2020) microrganismos

resistentes a antibióticos podem ser encontrados em diversos locais. Assim, a disseminação destas cepas pode ocorrer de uma pessoa para outra, bem como pelo contato entre animais e humanos, também pode ocorrer através de alimentos de origem animal e na agricultura. Entre as principais causas para a incidência de resistência de antimicrobianos é uso indevido e excessivo de antibióticos, porém existem ainda outros fatores, como água não tratada; carência de higiene para as pessoas e animais; descarga de efluentes advindos de unidades de saúde e fazenda, o que origina infecções; dificuldade de acesso a conhecimento e carência de educação (OMS, 2020).

Os microrganismos também podem apresentar a resistência primária, quando uma bactéria não possui alvo molecular onde a droga possa agir ou estas são impermeáveis, fazendo com que sejam resistentes a uma ou várias classes de antibióticos (Tenover, 2006; Lim; Webb, 2005). No entanto, há uma preocupação das organizações de saúde com relação a bactérias que manifestam resistência a antibióticos que antes eram suscetíveis, e nesse sentido a pressão seletiva exercida através do ambiente que está inserida, beneficiando a disseminação dos microrganismos resistentes, crescimento e disseminação de clones multirresistentes (Silva, 2021).

Desta forma, o presente capítulo buscou avaliar o perfil de resistência em bactérias cultiváveis de bacia e microbacia urbana de Santarém, Pa, em dois períodos sazonais da região Amazônica.

2.2 Metodologia

2.2.1 Perfil de resistência antimicrobiana

Para o estudo do perfil de resistência a antimicrobianos foi utilizado o método de difusão em disco de Kirby-Bauer (Bauer *et al.*, 1966). Uma porção da massa bacteriana de um cultivo em meio nutritivo (TSA) por 24h a 35 °C foi retirada com auxílio de uma alça bacteriológica e suspensa em solução salina 0,85% estéril, homogeneizada até obter-se a total turbidez correspondente ao padrão da escala Mac Farland de 0,5 que previamente foi calibrada em espectrofotômetro a 600nm de absorvância. Utilizando swabs estéreis embebidos nessa suspensão bacteriana, foi feito um tapete em toda extensão da placa contendo Ágar Mueller Hinton (MH - KASVI®) e após a secagem do inóculo, foram adicionados os discos de antimicrobianos por grupo de bactérias, Gram positivas e Gram negativas.

Figura 1: Método de difusão em disco.



Fonte: Autor (2022)

Para os testes foram utilizados 11 antimicrobianos de 5 classes: fluorquinolonas - ciprofloxacina (CIP); carbapenêmicos - imipenem (IMP); nitrofurantoína (NIT); penicilinas - penicilina (PEN G); oxacilina (OXA); Aminopenicilinas - ampicilina (AMP); Beta-lactâmicos - amoxicilina/Ácido clavulânico (AMO+CLA); macrolídeos - eritromicina (ERI) (Tabela 2).

Tabela 4 - Caracterização dos agentes antimicrobianos e padrões interpretativos para análise de resistência dos isolados através do teste de difusão em disco.

Classe	Antibiótico	Sigla	[]	Classificação		
				R	I	S
Beta-lactâmicos	Penicilina	PEN	10U.I	<14	-	>15
	Oxacilina (*)	OXA	1µg	<10	11-12	>13
	Amoxicilina+Ácido Clavulânico(*)	AMO+CLA	20/10 µg	<13	14-17	>18
	Ampicilina (**)	AMP	10 µg	<16	-	>17
Fluorquinolonas	Ciprofloxacina	CIP	5 µg	<15	16-20	>21
Carbapenêmicos	Imipenem	IMP	10µg	<4	5-15	>16
	Nitrofuranoína	NIT	300g	<14	13-16	>17
	Cloranfenicol	CLO	30µg	<12	13-17	>18
Macrolídeos	Eritromicina	ERI	15µg	<13	14-22	>23
Aminoglicosídeos	Gentamicina	GEN	30 µg	<12	13-14	>5
	Amicacina	AMI	10µg 30 µg	<14	15-16	>17

Fonte: Autor (2022)

Legenda: Penicilinas - (*); Aminopenicilinas - (**)

Após 24h em cultura a 35 °C foram observadas a presença de halos de sensibilidade ao redor do disco de cada antimicrobiano que foram verificados e medidos, em mm, com o auxílio de um paquímetro digital e então, comparados com os diâmetros de referência para a classificação sensível (S), intermediário (I) ou resistente (R), respeitando os critérios estabelecidos pelas normas vigentes (CLSI, 2005).

Figura 2: Halos de sensibilidade bacteriana.



Fonte: Autor (2022)

2.2.2 Obtenção do índice MAR (múltipla resistência a antimicrobianos)

O Índice MAR foi utilizado para determinar a múltipla resistência à antibióticos nas cepas isoladas. Para obter o MAR, foi dividido o número de antibióticos utilizados pelo número de antibióticos que o isolado foi resistente, resultados com valor superior a 0,2 caracterizam-se a multirresistência.

2.2.3 Análise estatística

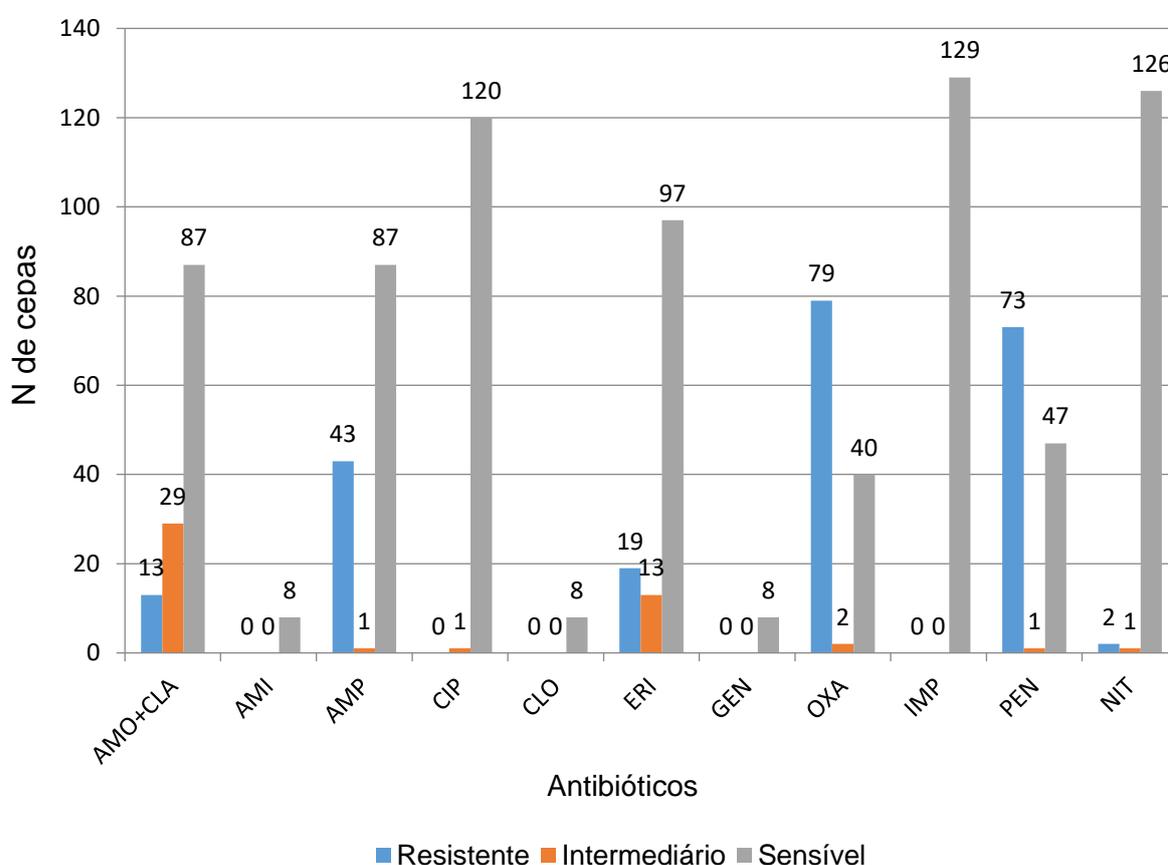
Para análise estatística de resistência antimicrobiana foi utilizada matriz de similaridade e distância euclidiana com variáveis categóricas R, I e S que foram convertidas em variáveis numéricas 3, 2 e 1, respectivamente, para que fosse construída uma medida de similaridade com base na análise euclidiana para a construção do dendrograma.

2.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

2.3.1 Perfil de resistência aos antibióticos

Foram submetidas ao teste de perfil de resistência, 129 cepas, destas 121 são Gram positivas e 8 Gram negativas, foi observado que 78,2% apresentaram resistência a pelo menos um antimicrobiano (Figura 1).

Figura 3 – Percentual de susceptibilidade bacteriana (resistente, sensível e resistência intermediária) a diferentes antimicrobianos em amostras ambientais de água.



Fonte: Autor (2022)

Legenda: AMO+CLA – Amoxicilina + Ácido Clavulânico; AMP – Ampicilina; ERI – Eritromicina; IMP – Imipenem; NIT – Nitrofurantoína; CIP – Ciprofloxacina; OXA – Oxacilina; PEN – Penicilina; AMI – Amicacina; CLO – Cloranfenicol; GEN – Gentamicina.

Dos gêneros testados e que se mostraram resistentes a pelo menos um antimicrobiano foram *Corynebacterium* sp. (54,1%), *Clostridium* sp. (38,1%),

Lactobacillus sp. (18,06%), *Staphylococcus* sp. (6,4%) e *Staphylococcus aureus* (9,03%). Os gêneros *Shigella* sp., *Yersinia* sp e *Serratia* sp. não apresentaram perfil de resistência a nenhum dos antimicrobianos testados. Os padrões interpretativos de diâmetros de halos de inibição para *Clostridium* e *Corynebacterium*, foram obtidos com base em padrões para bactérias Gram positivas e adaptados da CLSI (2005).

A classe das penicilinas foi o grupo de antimicrobiano em que as cepas apresentaram maior resistência em relação às outras classes, onde do total das cepas 65,2% mostraram resistência para OXA e 60,3% para PEN de cepas resistentes.

Ao analisar os resultados dos perfis de resistência das bactérias aos antimicrobianos testados não houve diferença entre as estações chuvosa e de estiagem, independentemente dos pontos amostrados. Estudos associam o elevado índice de resistência antimicrobiana no período chuvoso, ao transporte alóctone facilitado pelo arraste de contaminantes de outras partes dos ambientes aquáticos (Peak *et al.*, 2007). Porém nossos dados não corroboram com os resultados encontrados pelo autor acima mencionado, pois não houve influência das estações climáticas sobre o perfil de resistência bacteriana das cepas testadas aos antimicrobianos.

Entre as cepas Gram negativas (n=8) houve sensibilidade para todos antimicrobianos testados.

O perfil intermediário foi expresso com maior frequência para AMO+CLA (22,4%) e ERI (10,07%), com uma menor sensibilidade para OXA, seguido pela PEN.

A penicilina, PEN G, representou o segundo mais frequente entre os perfis de resistência expressos pelas cepas testadas, ou seja, foi o antimicrobiano que apresentou menor eficiência frente as cepas nesta pesquisa. A partir de sua descoberta em 1928, há registrado historicamente o aumento nos perfis de resistência de bactérias para este fármaco, menos de 1% em meados de 1930, para 90% em 2005 (Gangle, 2005). De acordo com o mesmo autor, o aumento do padrão de resistência à PEN, AMP e AMO é alarmante devido à grande diversidade de microrganismos resistentes a esses antibióticos. A maior parte dos microrganismos envolvidos nesta questão, ocasionam doenças no trato gastrointestinal e a busca de antibióticos para tratamento direcionam os pacientes a elegerem fatores como baixo

preço e fácil acesso aos antimicrobianos.

No presente estudo a OXA apresentou um perfil de susceptibilidade de 33% para as cepas Gram positivas testadas. A pressão antrópica e avanço da urbanização dos pontos estudados certamente é fator que leva a seleção de cepas resistentes, pois esse antimicrobiano é utilizado na maioria na terapêutica de infecções humanas. Estudos com estafilococos mostraram elevada resistência, acima de 70% ao grupo das penicilinas (benzilpenicilina, penicilina V, ampicilina e amoxicilina). Na busca por fármacos antimicrobianos capazes de combater as infecções estafilocócicas foram descobertas novas penicilinas como a meticilina, a oxacilina e seus derivados (Moreira, 1995; Tavares, 2000).

Antibióticos como AMO e AMP, quando aliados com Clavulanato ou Sulbactam, respectivamente exibem maior eficácia em inibir o crescimento bacteriano (Bush; Bradford, 2016; Tooke *et al.*, 2019), nesta pesquisa foi utilizado testes de sensibilidade para AMO associado ao Clavulanato/Ácido Clavulânico (AMO+CLA) e 10% das cepas testadas se mostraram resistentes a estes fármacos. Estudo em águas subterrâneas e superficiais relatam resultados semelhantes aos achados neste estudo, onde segundo os autores 36% das cepas por eles testadas se mostraram resistentes aos antimicrobianos amoxicilina e ampicilina (Schneider *et al.*, 2009).

Foram identificadas cepas resistentes a ampicilina, ciprofloxacino e com susceptibilidade a gentamicina em rios da cidade de Cascavel-PR, onde os corpos hídricos analisados recebem o aporte de efluentes urbanos e os autores afirmam que a resistência encontrada é semelhante com os medicamentos que são largamente distribuídos pelas farmácias primárias da cidade e redondezas (Malagi *et al.*, 2020).

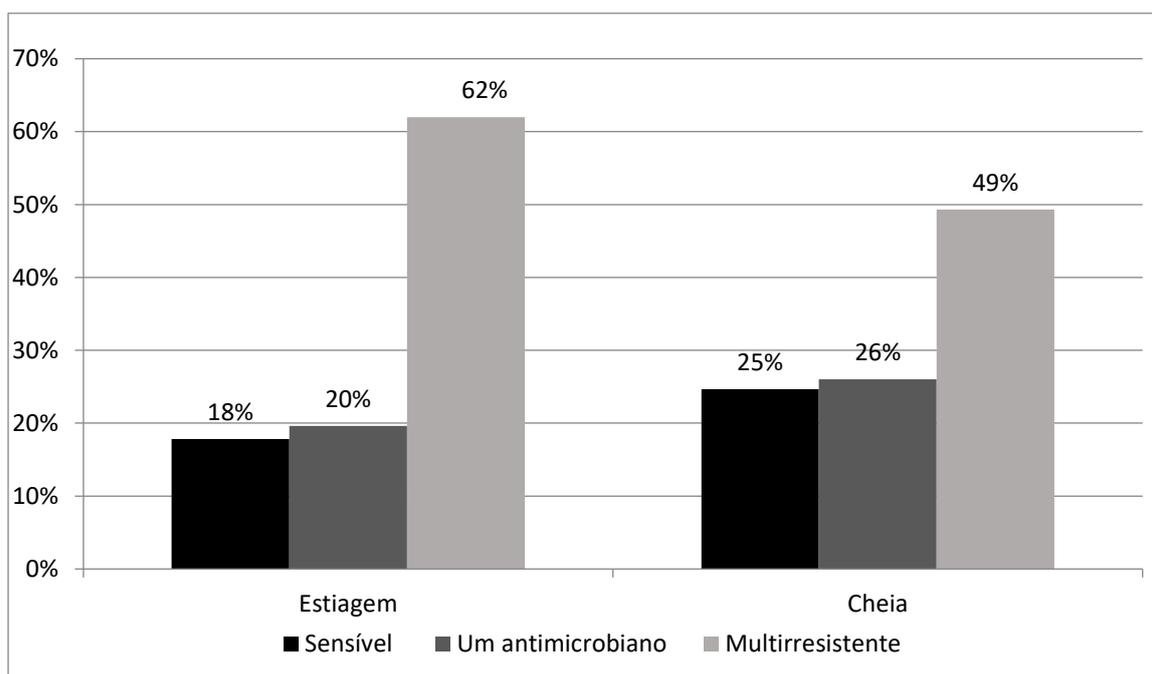
A penicilina e seus derivados, AMP e AMO, são antibióticos que pertencem ao grupo dos β -lactâmicos, ou seja, tem como função principal afetar a síntese da parede celular bacteriana. Foi observado cepas resistentes também à ERI (13,9%). Este antibiótico pertence a classe dos macrolídeos e tem como característica a capacidade de amplo espectro de ação, agindo na síntese de proteína. Em geral a ERI é o antimicrobiano de segunda opção para o caso de pacientes que apresentam alergia à PEN (França, *et al.*, 2014).

Ciprofloxacina (CIP) e Imipenem (IMP) foram os antimicrobianos para os quais as cepas testadas nesta pesquisa apresentaram sensibilidade. A ciprofloxacina

é uma cefalosporina de terceira geração, normalmente é administrada para o tratamento de infecções bacterianas sistêmicas complicadas, portanto indica o seu baixo uso em infecções da comunidade (Wambugu *et al.*, 2015).

A porcentagem de isolados sensíveis e resistentes a antimicrobiano nos diferentes períodos sazonais é mostrada na figura 2.

Figura 4 - Isolados sensíveis, resistentes e multirresistentes a antimicrobianos nos períodos sazonais.



Fonte: Autor (2022)

Pode-se observar que houve uma alta taxa no perfil de multirresistência no período de estiagem, já o perfil de sensibilidade foi maior no período chuvoso.

Considerando todos os isolados, 78,2% das cepas que apresentaram resistência a um ou mais antimicrobianos, destes 55,03% mostraram multirresistência (maior nos isolados do período de estiagem) e 21,7% foram sensíveis (maior no período chuvoso) a todos os antimicrobianos testados.

A elevada quantidade de bactérias multirresistentes é considerada preocupante, na medida em que essas bactérias podem por contato contaminar a população, mesmo não sendo patógenos potenciais ou oportunistas, podem transferir genes de resistência à microbiota indígena patogênica, oportunista ou comensal, que a depender da situação do hospedeiro pode causar infecção (Sommer; Dantas, 2011).

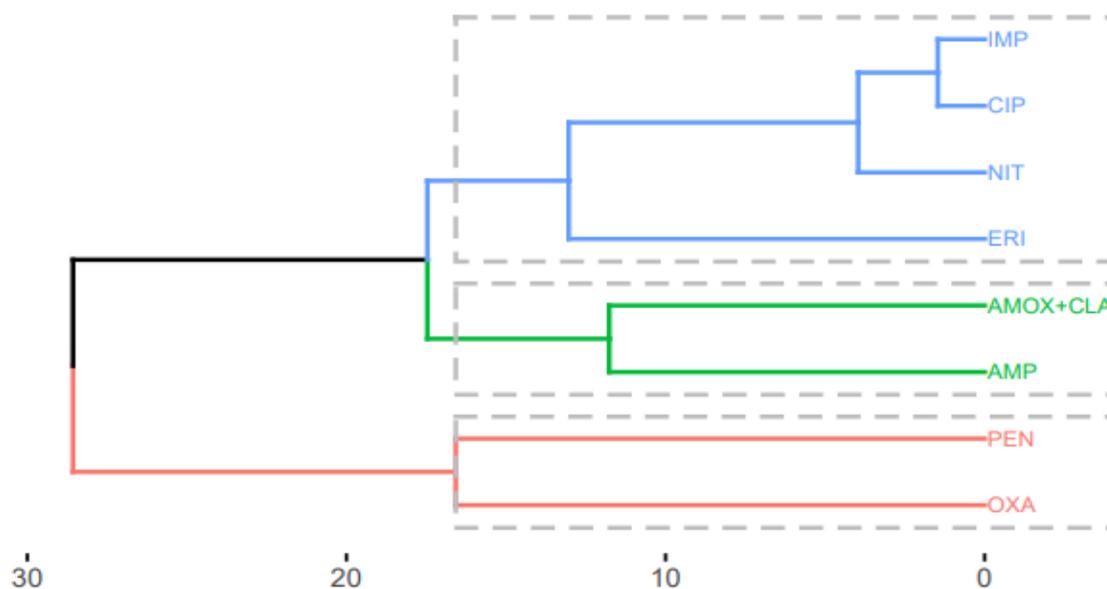
As cepas multirresistentes à antimicrobianos se tornaram cada vez mais comuns devido ao uso indiscriminado de antibióticos tanto na medicina humana ou veterinária, quanto na agricultura e produção animal (OMS, 2020). Fatores como densidade populacional e o descarte de resíduos de forma inadequada nas proximidades de corpos d'água, estão diretamente relacionados com o aumento da resistência antimicrobiana (Rodriguez, 2015). Estudar os microrganismos multirresistentes é uma questão imperativa para o controle da saúde pública, para o tratamento de doenças infecciosas e o monitoramento ambiental é uma forma eficaz de garantir a saúde da população, sobretudo as mais carentes.

Segundo O'Neill (2016) o elevado número de cepas ambientais apresentando resistência antimicrobiana se tornou grande desafio para o planeta e para existência humana. As hipóteses para essa questão são preocupantes, supõe-se que em 2050, infecções causadas por bactérias resistentes poderão ser a causa de um índice de mortalidade maior que o do câncer.

Para Monteiro, *et al.*, (2020), o tratamento com antibióticos por tempo inadequado e sem prescrição médica, são os principais motivos para o desencadeamento da resistência. O uso de antimicrobianos em animais em dosagens baixas para evitar doenças e o consumo de alimentos com antimicrobianos que são utilizados na agricultura para o controle de pragas são causas para o favorecimento de cepas resistentes. (Loureiro R *et al.*, 2016). Assim como o despejo de esgotos *in natura*, fossas sépticas e de águas residuais, e resíduos provenientes do escoamento de fazendas também podem refletir na expressão de perfis de multirresistências bacterianas (Cho, *et al.*, 2020).

O resultado da análise de agrupamento abordando os padrões de resistência entre os diferentes antimicrobianos mostraram dissimilaridade entre os grupos (Figura 3).

Figura 5 - Dendrograma de similaridade entre antibióticos escolhidos, construído por meio do seu padrão de resistência pelas cepas aos antimicrobianos analisados.



Fonte: Darlisson Mesquita (2022)

O grupo mais distante foram para os antimicrobianos OXA e PEN, estes são os que apresentaram alta taxa de resistência entre as cepas testadas. Já o primeiro grupo (IMP, CIP, NIT e ERI) apresentou maior perfil de sensibilidade nas cepas testadas, explicando a distância entre os dois grupos.

Os resultados das análises de perfil de resistência bacteriana nesta pesquisa evidenciam a necessidade de maior monitoramento dos ambientes aquáticos que são utilizados pela população. O fato de os locais de coleta estarem próximos a áreas urbanas ou periurbanas, onde a densidade populacional elevada é evidente e o saneamento básico deficiente são situações que afetam fortemente os corpos d'água com aporte de resíduos de diferentes fontes, consequentemente, aumentando a disseminação e seleção de cepas resistentes.

No presente estudo as amostras não foram obtidas diretamente das nascentes, mas de fontes naturais próximas às áreas urbanas e periurbanas, as tornando ambientes ainda mais facilitados para o consumo populacional.

Há necessidade de adoção de novas políticas de incentivo ao uso adequado dos antimicrobianos, fortalecimentos de políticas públicas em relação ao saneamento básico, além de incremento em pesquisas que visem a perscrutação e mais intrinsecamente a relação da resistência bacteriana.

CONCLUSÃO

Os resultados desta pesquisa mostraram não haver influência dos períodos sazonais no perfil de resistência de bactérias aos antimicrobianos nos diferentes pontos analisados.

Os antibióticos que mostraram maior porcentagem no perfil de resistência foram a oxacilina, seguida da penicilina em ambos os pontos amostrais e a maior porcentagem no perfil de sensibilidade foi observada nos antimicrobianos ciprofloxacina, imipenem e nitrofurantoína.

Das 8 cepas Gram negativas testadas, todas apresentaram algum perfil de sensibilidade aos antimicrobianos testados.

A bacia e microbacia são importantes canais pelo quais a população pode ser diretamente exposta a microrganismos resistentes a diferentes classes de antimicrobianos, uma vez que, os esgotos domésticos e dejetos de embarcações são despejados em locais onde são realizadas práticas de pesca e consumo dos peixes, recreação e balneabilidade, entre outras atividades.

Há necessidade de adoção de novas políticas de incentivo ao uso adequado dos antimicrobianos, fortalecimentos de políticas públicas em relação ao saneamento básico.

REFERÊNCIAS

Antimicrobial Resistance. World Health Organization (WHO), [s.d]. Disponível em: . Acesso em: 12 de Outubro de 2022;

Bauer, A. W. Antibiotic susceptibility testing by a standardized single disc method. **Am J clin pathol**, v. 45, p. 149-158, 1966.

Brasil. Ministério da Saúde. Secretaria da Ciência, Tecnologia e Insumos Estratégicos. Formulário Terapêutico Nacional 2010. Rename 2010. Departamento de Assistência Farmacêutica e Insumos Estratégicos. 2.ed. Brasília, DF, 2010. 1140 p

Bush, K.; Bradford, P. A. β -Lactams and β -lactamase inhibitors: an overview. **Cold Spring Harbor perspectives in medicine**, v. 6, n. 8, p. a025247, 2016.

Cho, S.; Jackson, C. R.; Frye, J. G. The prevalence and antimicrobial resistance phenotypes of Salmonella, Escherichia coli and Enterococcus sp. in surface water. **Letters in Applied Microbiology**, v. 71, n. 1, p. 3-25, 2020.

França, P. T. R.; Melloni, R. Avaliação microbiológica de águas de recreação por meio da análise de resistência de bactérias heterotróficas a antibióticos. **RBRH-Revista Brasileira de Recursos Hídricos**, v. 19, n. 4, p. 107-113, 2014.

Franco, B. D. G. D. M.; Landgraf, M. Microbiologia dos alimentos. 1996.

Gangle, B. J. **Fontes e ocorrência de resistência a antibióticos no ambiente**. Universidade de Maryland, College Park, 2005.

Lim, S. M.; Webb, SAR. Infecções bacterianas hospitalares em Unidades de Terapia Intensiva. I: Organismos e mecanismos de resistência aos antibióticos. **Anestesia**, v. 60, n. 9, pág. 887-902, 2005.

Loureiro, R. J.; Roque, F.; Rodrigues, A. T.; Herdeiro, M. T.; & Ramalheira, E. O uso de antibióticos e as resistências bacterianas: breves notas sobre a sua evolução. **Revista Portuguesa de saúde pública**, v. 34, n. 1, pág. 77-84, 2016.

Malagi, I.; Sampaio, S. C.; Pinto, F. G. S.; Rosa, D. M.; & Dos Reis, R. R. Physicochemical quality of and Escherichia coli resistance profiles in urban surface waters. **Brazilian Journal of Biology**, v. 80, p. 661-668, 2019.

Mani, S.; Wierzba, T.; Walker, R. I. Status of vaccine research and development for Shigella. **Vaccine**, v. 34, n. 26, p. 2887-2894, 2016.

Martinez, J. L.; Baquero, F. Emergence and spread of antibiotic resistance: setting a parameter space. *Upsala journal of medical sciences*, v.119, n.2, p.68-77, 2014.

Martinez, J. L.; Coque, T. M.; Baquero, F. What is a resistance gene? Ranking risk in resistomes. *Nature reviews. Microbiology*, v.13, n.2, p.116-123, 2015.

Monteiro R. F. D. S.; Santos, V. R. R. dos; Ferreira A. A. C. T.; Abreu J. R. G. de. O uso indiscriminado de antimicrobianos para o desenvolvimento de micro-organismos resistentes. **Revista Eletrônica Acervo Saúde**, n. 53, p. e3597, 23

jul. 2020.

Moreira, B. M.; DAUM, R. S. Antimicrobial resistance in staphylococci. **Pediatric Clinics of North America**, v. 42, n. 3, p. 619-648, 1995.

Moura, A. C.; Assumpção, R. A. B.; Bischoff, J. Monitoramento físico-químico e microbiológico da água do rio Cascavel durante o período de 2003 a 2006. **Arquivos do Instituto Biológico**, v. 76, p. 17-22, 2021.

NCCLS- **Performance Standards for Antibiotic Disc Susceptibility Test**, V.10, N.7. abr.1990.

O'Neill, J. Tackling drug-resistant infections globally: final report and recommendations, **The review on antimicrobial resistance**. 2016

Organização Mundial da Saúde (OMS). Antimicrobial resistance. WHO, 2020. Disponível em: <https://www.who.int/en/news-room/fact-sheets/detail/antimicrobial-resistance> Acesso em: 10, abr. 2021

Peak, N.; Knapp, C. W.; Yang, R. K.; Hanfelt, M. M.; Smith, M. S.; Aga, D. S.; & Graham, D. W. Abundance of six tetracycline resistance genes in wastewater lagoons at cattle feedlots with different antibiotic use strategies. **Environmental microbiology**, v. 9, n. 1, p. 143-151, 2007.

Resende, J. A.; Silva, V. L.; Diniz, C. G. Aquatic environments in the One Health context: modulating the antimicrobial resistance phenomenon. *Acta Limnológica Brasiliensia*, v.32, n.102, p.1–10, 2020.

Ribeiro, M. C. O. R. Caracterização do *Pediococcus acidilactici* b14 quanto às propriedades probióticas e sua associação com *Lactobacillus acidophilus* atcc 4356 com aplicação em sobremesa com soja aerada potencialmente simbiótica. Tese de Doutorado, Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2012.

Rodriguez-Mozaz, S.; Chamorro, S.; Marti, E.; Huerta, B.; Gros, M.; Sánchez-Melsió, A.; ... & Balcázar, J. L. Occurrence of antibiotics and antibiotic resistance genes in hospital and urban wastewaters and their impact on the receiving river. **Water research**, v. 69, p. 234-242, 2015.

Sangeetha, A. V.; Parija, S. C.; Mandal, J.; & Krishnamurthy, S. Clinical and microbiological profiles of shigellosis in children. **Journal of health, population, and nutrition**, v. 32, n. 4, p. 580, 2014.

Schneider, R. N.; Nadvorny, A.; Schmidt, V. Perfil de resistência antimicrobiana de isolados de *Escherichia coli* obtidos de águas superficiais e subterrâneas, em área de produção de suínos. **Biotemas**, v. 22, n. 3, p. 11-17, 2009.

Sieber, G.; Beisser, D.; Bock, C.; Boenigk, J. Protistan and fungal diversity in soils and freshwater lakes are substantially different. *Scientific Reports*, v.10, n.1, p.1–11, 2020.

Silva, C. F. D. Avaliação de um programa de controle de antimicrobianos em um hospital universitário. Dissertação (Mestrado em Ciências Pneumológicas) - Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2021.

Sommer, M. O.; Dantas, G. Antibióticos e o microbioma resistente. **Opinião atual em microbiologia**, v. 14, n. 5, pág. 556-563, 2011.

Tavares, W. Bactérias gram-positivas problemas: resistência do estafilococo, do enterococo e do pneumococo aos antimicrobianos. **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical**, v. 33, p. 281-301, 2000.

Tenover, F. C. Mechanisms of antimicrobial resistance in bacteria. **The American journal of medicine**, v. 119, n. 6, p. S3-S10, 2006.

The, H. C.; Thanh, D. P.; Holt, K. E.; Thomson, N. R.; & Baker, S. The genomic signatures of Shigella evolution, adaptation and geographical spread. **Nature Reviews Microbiology**, v. 14, n. 4, p. 235-250, 2016.

Tooke, C. L.; Hinchliffe, P.; Bragginton, E. C.; Colenso, C. K.; Hirvonen, V. H.; Takebayashi, Y.; & Spencer, J. β -Lactamases and β -Lactamase Inhibitors in the 21st Century. **Journal of molecular biology**, v. 431, n. 18, p. 3472-3500, 2019.

Wambugu, P.; Habtu, M.; Impwi, P.; Matiru, V.; & Kiiru, J. Antimicrobial susceptibility profiles among Escherichia coli strains isolated from Athi River water in Machakos County, Kenya. 2015.

Wei, Jun-Rong; LAI, Hsin-Chih. N-acylhomoserine lactone-dependent cell-to-cell communication and social behavior in the genus Serratia. **International Journal of Medical Microbiology**, v. 296, n. 2-3, p. 117-124, 2006.



UNIVERSIDADE FEDERAL DO OESTE DO PARÁ
REITORIA
SISTEMA INTEGRADO DE BIBLIOTECAS
BIBLIOTECA CENTRAL RUY BARATA

TERMO DE AUTORIZAÇÃO PARA PUBLICAÇÃO DE TRABALHOS
ACADÊMICOS

1. Identificação do autor

Nome completo: Anna Célia Oliveira Sarmento

CPF: 034.404.232-47 RG: 7187484 Telefone: 93 981299515

E-mail: oannacelia8@gmail.com

Titulação recebida: Graduação

Seu e-mail pode ser disponibilizado na página de rosto?

(x) Sim () Não

2. Identificação da obra

(x) Monografia () TCC () Dissertação () Tese () Artigo científico () Outros:

Título da obra: Diversidade e perfil de resistência de bactérias cultiváveis oriundas de bacia e microbacia urbana de Santarém, Pará, Brasil.

Programa/Curso de pós-graduação: Bacharelado em Ciências Biológicas

Data da conclusão: 05/01/2023

Orientador: Graciene do Socorro Taveira Fernandes

E-mail: gracienefernandes@hotmail.com

Examinadores: Eveleise Samira Canto Martins e Rose Caldas de Souza Meira.

3. Termo de autorização

Autorizo a Universidade Federal do Oeste do Pará (UFOPA) a incluir o documento de minha autoria, acima identificado, em acesso aberto, no Portal da instituição, na Biblioteca Ruy Barata, no Repositório Institucional da Ufopa, bem como em outros sistemas de disseminação da informação e do conhecimento, permitindo a utilização, direta ou indireta, e a sua reprodução integral ou parcial, desde que citado o autor original, nos termos do artigo 29 da Lei nº 9.610, de 19 de fevereiro de 1998. Essa autorização é uma licença não exclusiva, concedida à Ufopa a título gratuito, por prazo indeterminado, válida para a obra em seu formato original.

Declaro possuir a titularidade dos direitos autorais sobre a obra e assumo total responsabilidade civil e penal quanto ao conteúdo, citações, referências e outros elementos que fazem parte da obra. Estou ciente de que todos os que de alguma forma colaboram com a elaboração das partes ou da obra como um todo tiveram seus nomes devidamente citados e/ou referenciados, e que não há nenhum impedimento, restrição ou limitação para a plena validade, vigência e eficácia da autorização concedida.

Cinma Célia Oliveira Sarmiento

Santarém, 20/01/2023.

Assinatura do autor

4. Tramitação

Secretaria / Coordenação de curso

Recebido em ____/____/____.

Responsável: _____

Siape/Carimbo