



Além do Hospital: Disseminação de Bactérias, Caracterização de Resistoma e Perfil de Susceptibilidade aos Antimicrobianos em Águas Residuais e Superficiais no Brasil

Beyond the Hospital: Bacterial Dissemination, Resistome Characterization, and Antimicrobial Susceptibility Profile in Wastewater and Surface Waters in Brazil

Bráulio de Almeida Teixeira

Programa de Pós-Graduação em Desenvolvimento e Inovação Tecnológica em Medicamentos - UFPB/ UFRN/UFC/UFRPE/UFCG/UEPB. <http://lattes.cnpq.br/5195418452081904>

Francisco Patrício de Andrade Júnior

Programa de Pós-Graduação em Produtos Naturais e Sintéticos Bioativos - UFPB. <http://lattes.cnpq.br/9204428116648980>

Lucas Ferreira Alves dos Santos

Programa de Pós-Graduação em Produtos Naturais e Sintéticos Bioativos - UFPB. <http://lattes.cnpq.br/3929206686702161>

Mariana Letícia Gomes de Azevedo

Programa de Pós-Graduação em Odontologia - UFPB. <http://lattes.cnpq.br/4228053738505387>

Igor Alves da Silva

Programa de Pós-Graduação em Produtos Naturais e Sintéticos Bioativos - UFPB. <http://lattes.cnpq.br/0225591839482091>

Mellissa Karlla Lima dos Santos

Programa de Pós-Graduação em Produtos Naturais e Sintéticos Bioativos - UFPB. <http://lattes.cnpq.br/6819262966433434>

Renata de Almeida Travassos

Bacharela em Biotecnologia - UFPB; Bacharela em Odontologia - UNIESP. <http://lattes.cnpq.br/6994570190694119>

Jonielly Pereira dos Santos

Programa de Pós-Graduação em Odontologia - UFPB. <http://lattes.cnpq.br/1305847899242239>

Darci de Magalhães Melo

Empresa Brasileira de Serviços Hospitalares - EBSERH. <http://lattes.cnpq.br/3881321786013236>

Edeltrudes de Oliveira Lima

Departamento de Ciências Farmacêuticas - UFPB. <http://lattes.cnpq.br/9406572870167006>

Resumo: O uso indiscriminado de antimicrobianos, tanto na saúde humana quanto na veterinária, somado ao fato de que resíduos desses fármacos se acumulam no meio ambiente, promove o surgimento e a disseminação de bactérias resistentes a antimicrobianos e de seus genes relacionados. No Brasil, mais de 50% dos municípios descartam esgoto não tratado no meio ambiente, cujos contaminantes alcançam rios, lagos, represas e outras águas superficiais, voltando, posteriormente, ao ciclo da resistência por meio do uso dessas águas por animais

e humanos. O presente trabalho buscou realizar uma revisão integrativa da literatura a fim de identificar os principais microrganismos de importância em saúde pública, seus genes de resistência e seu perfil de susceptibilidade a antimicrobianos presentes em amostras de águas residuais e superficiais no Brasil. Pelo menos 40 espécies bacterianas foram identificadas, distribuídas em 34 gêneros. As mais prevalentes foram *Klebsiella pneumoniae*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Enterobacter cloacae*, *Acinetobacter baumannii*, *Escherichia coli* e *Salmonella enterica*. Houve resistência a 46 diferentes antimicrobianos, destacando-se os β -lactâmicos, aminoglicosídeos e quinolonas. Também foi relatada resistência à polimixina B e à vancomicina. Aproximadamente 180 genes de resistência a antimicrobianos foram detectados, destacando-se *sul1*; *aph(3'')-Ib*, *aph(6)-Id*, *aadA1*; *blaKPC-2*, *blaGES-5*, *blaTEM-1A*, *blaCTX-M-15*, *blaOXA-23* e *blaOXA-65*. O presente estudo chama a atenção para a necessidade do desenvolvimento de novas tecnologias de saneamento de efluentes, de políticas de combate ao uso indiscriminado de antimicrobianos e do estabelecimento de programas de vigilância de RAM.

Palavras-chave: saúde; resistência bacteriana; genes de resistência a antimicrobianos; águas residuais; águas superficiais.

Abstract: The indiscriminate use of antimicrobials in both human and veterinary medicine, combined with the accumulation of residues of these drugs in the environment, promotes the emergence and dissemination of antimicrobial-resistant bacteria and their associated genes. In Brazil, more than 50% of municipalities discharge untreated sewage into the environment, and its contaminants reach rivers, lakes, reservoirs, and other surface waters, subsequently re-entering the resistance cycle through the use of these waters by animals and humans. The present study aimed to conduct an integrative literature review to identify the main microorganisms of public health importance, their resistance genes, and antimicrobial susceptibility profiles found in wastewater and surface water samples in Brazil. At least 40 bacterial species were identified, distributed across 34 genera. The most prevalent species were *Klebsiella pneumoniae*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Enterobacter cloacae*, *Acinetobacter baumannii*, *Escherichia coli*, and *Salmonella enterica*. Resistance to 46 different antimicrobials was observed, particularly to β -lactams, aminoglycosides, and quinolones. Resistance to polymyxin B and vancomycin was also reported. Approximately 180 antimicrobial resistance genes were detected, with emphasis on *sul1*; *aph(3'')-Ib*, *aph(6)-Id*, *aadA1*; *blaKPC-2*, *blaGES-5*, *blaTEM-1A*, *blaCTX-M-15*, *blaOXA-23*, and *blaOXA-65*. This study highlights the need for the development of new wastewater treatment technologies, policies to combat the indiscriminate use of antimicrobials, and the establishment of antimicrobial resistance (AMR) surveillance programs.

Keywords: one health; antimicrobial resistance; antimicrobial resistance genes; wastewater; surface waters.

INTRODUÇÃO

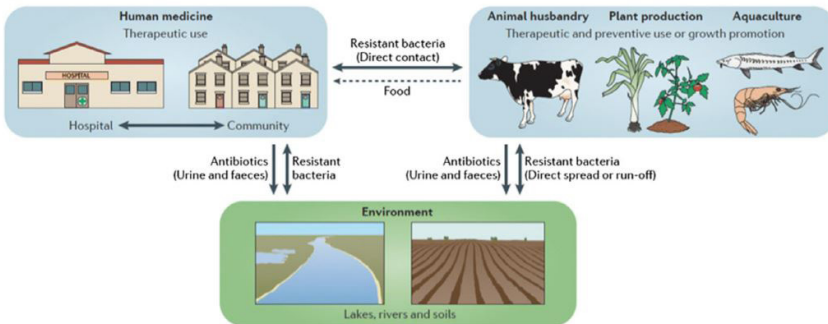
One Health (Uma Só Saúde ou Saúde Única) é um conceito no estudo das doenças infecciosas em que a saúde e as ações humanas, a saúde animal, vegetal e ambiental estão interligadas (Pitt; Gunn, 2024). O termo foi cunhado entre 2002 e 2004, quando houve a epidemia causada pelo vírus zoonótico SARS-CoV-1, muito embora as questões envolvidas nessa abordagem já estivessem presentes em tratados tanto orientais quanto ocidentais há milênios (Pitt; Gunn, 2024). A

colaboração entre a medicina humana, medicina veterinária, ciências ambientais, entre outras áreas, é fundamental para o enfrentamento dos riscos à saúde (Bertram *et al.*, 2024). Neste sentido, uma articulação entre a Organização Mundial da Saúde (OMS/WHO), Organização Mundial de Saúde Animal (OMSA/WOAH), Organização das Nações Unidas para a Alimentação e a Agricultura (FAO) e o Programa das Nações Unidas para o Meio Ambiente (PNUMA/UNEP) estabeleceu 6 áreas de estudo prioritárias: diagnóstico laboratorial; controle de zoonoses; doenças tropicais negligenciadas; resistência a antimicrobianos; segurança dos alimentos; e saúde ambiental (Pitt; Gunn, 2024).

A resistência aos antimicrobianos (RAM) surge do uso irracional destes medicamentos em humanos e animais, bem como da ausência de políticas eficazes de combate a tal prática, resultando na contaminação do meio ambiente (solo, água, efluentes etc.) por resíduos de antimicrobianos e genes de resistência aos mesmos (Aslam *et al.*, 2021). Dada a capacidade das bactérias de se tornarem resistentes a antibióticos devido a mutações em seu material genético ou quando adquirem genes de resistência a estes fármacos por conjugação, transformação e/ou transdução, bem como a atual carência de novas moléculas antibacterianas, a RAM é uma das maiores ameaças à saúde global no presente século (Serna; Gonzalez-Zorn, 2022). A estimativa é de que em 2050 haverá em todo o mundo 1.910.000 mortes diretamente relacionadas à RAM e 8.220.000 mortes associadas a ela, sendo a América Latina uma das regiões mais afetadas (GBD 2021 Antimicrobial Resistance Collaborators, 2024).

Os efluentes sanitários urbanos e agrícolas descartados no meio ambiente carregam consigo resíduos de antibióticos e genes de resistência a antimicrobianos que influenciam a dinâmica de microbiomas e favorecem a ocorrência de ainda mais destes genes, os quais estarão presentes em bactérias no solo, nos sistemas aquáticos, nos alimentos, entre outros (Ramos *et al.*, 2024). Tais bactérias resistentes a antimicrobianos colonizam animais de criação, animais domésticos e selvagens e contaminam águas de superfície (rios, lagos, represas, oceanos), sendo sequencialmente reintroduzidas em ambientes clínicos e veterinários (Ballash *et al.*, 2024).

Figura 1 - Ecologia da resistência: a disseminação da RAM sob a perspectiva One Health.



Fonte: adaptado de Al-Khalaifah *et al.* (2025).

No Brasil, ocorrem todos os anos mais de 33.000 mortes diretamente relacionadas à RAM e aproximadamente 138.000 mortes associadas a este mesmo fenômeno (Carneiro; Pillonetto, 2026). Há uma alta prevalência no país de carbapenemases, como a New Delhi Metallo- β -lactamase (NDM), *Klebsiella pneumoniae* Carbapenemase (KPC) e oxacilinases (OXA-23), presentes em Enterobacterales, *Pseudomonas aeruginosa* e *Acinetobacter baumannii* (Carneiro; Pillonetto, 2026). Apesar disso, o boletim epidemiológico de microrganismos resistentes a carbapenêmicos publicado em 2024 e considerando dados de 2015 a 2022 em todo o Brasil mostrou que mais de 75% das amostras de isolados bacterianos resistentes a carbapenêmicos enviadas aos Laboratórios Centrais de Saúde Pública (LACEN) foram oriundas de apenas cinco estados: Minas Gerais, Paraná, Bahia, Santa Catarina e São Paulo. Os estados com menos amostras enviadas foram Roraima, Alagoas, Paraíba e Amapá (0,03% ao todo). Entretanto, esses dados não significam que onde há um pequeno número de casos há menos resistência aos carbapenêmicos (Brasil, 2024).

Além do ambiente hospitalar, reservatórios externos como as águas residuais, por exemplo, podem favorecer o fenômeno da RAM (Farias *et al.*, 2023). Estes reservatórios, devido à sua riqueza de nutrientes, metais pesados, resíduos de antimicrobianos e bactérias potencialmente resistentes, constituem-se como uma matriz que pode ser utilizada para estudos de vigilância e moleculares, através de análises da variabilidade genética nestas amostras (Barros *et al.*, 2024).

Ante o exposto, o presente trabalho visou à realização de uma revisão integrativa da literatura científica presente em bases de dados oficiais, cuja pergunta norteadora foi: qual o perfil bacteriológico e o resistoma, principalmente, bem como o perfil de susceptibilidade aos antimicrobianos em amostras de águas superficiais e de efluentes no Brasil?

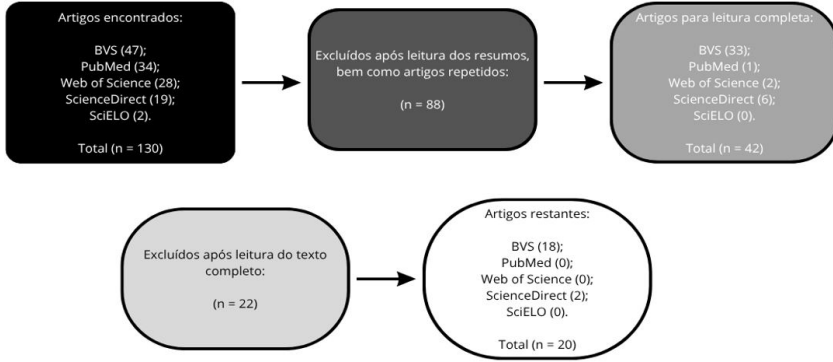
METODOLOGIA

Trata-se de uma pesquisa aplicada, qualitativa e exploratória. Para tal, foi realizada uma revisão integrativa da literatura científica disponível nas bases de dados PubMed (National Library of Medicine), coleção completa da BVS (Biblioteca Virtual em Saúde), ScienceDirect (Elsevier), Web of Science (Clarivate) e SciELO.

Nas buscas nas bases de dados foi utilizada a seguinte combinação de descritores e operadores booleanos: ((Surface water) OR (Wastewater)) AND (Antimicrobial resistance) AND (Brazil). Os critérios de inclusão foram: artigos de pesquisa que buscassem identificar as espécies bacterianas e determinar seu resistoma, principalmente, bem como seu perfil de susceptibilidade a antimicrobianos em amostras de águas superficiais e efluentes no Brasil; publicados nos últimos 5 anos e redigidos em inglês, português ou espanhol. Foram excluídos do estudo trabalhos acadêmicos (TCCs, dissertações, teses e monografias); trabalhos cujo idioma não fosse inglês, português ou espanhol; estudos que não tivessem feito a busca de genes de resistência, isto é, aqueles que somente tivessem traçado o

perfil de sensibilidade dos isolados; estudos que não informassem a espécie ou gênero dos microrganismos isolados. Um esquema detalhado de todo o processo de triagem dos artigos identificados encontra-se na figura 2 abaixo:

Figura 2 - Fluxograma da triagem dos artigos incluídos no estudo.



Fonte: Autoria própria (2026).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na tabela 1 abaixo encontram-se os resultados dos 20 artigos eleitos para este estudo. Nela estão os dados referentes a cada artigo: cidade e amostra utilizada; identificação dos microrganismos; panorama de resistência, considerando todas as espécies detectadas; resistoma, também considerando o conjunto de microrganismos detectados; o método utilizado para detecção desses genes; bem como a autoria e o ano dos trabalhos.

Tabela 1 – Bactérias identificadas e seus respectivos panoramas de resistência e resistoma em águas superficiais e efluentes no Brasil.

Local/Amostra	Microrganismos	Resistência	Genes	Método	Autoria
São Leopoldo - RS. Esgoto bruto de estação de tratamento.	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> .	AMK, ATM, CAZ, CIP, FEP, IPM, LVX, TOB, TZP.	blaNDM, blaSPM.	PCR.	Barros <i>et al.</i> , 2024.
Curitiba - PR. Esgoto hospitalar, residencial e de estação de tratamento (bruto e tratado); água do Rio Iguaçu (a montante/jusante).	<i>Aeromonas</i> spp.	CIP, CTX, GEN.	aac(6')-Ib-cr, blaCTX-M, blaGES, blaGES-1, blaGES-16, blaGES-5, blaGES-7, blaTEM, qnrS.	PCR; Sanger.	Conte <i>et al.</i> , 2020.
Brasília – DF. Esgoto urbano tratado.	<i>Enterococcus faecalis</i> ST21 (VRE).	ERY, LVX, LZD, TEC, VAN.	ant(6)-Ia, aph(3')-III, erm(B), Isa(A), tet(M), vanA.	WGS.	Farias <i>et al.</i> , 2023.
Zona rural de Guaira - SP. Água do Rio Pardo.	XDR <i>Klebsiella pneumoniae</i> ST340 O4:KL15	AMK, AMC, ATM, CAZ, CFZ, CIP, CPT, CRO, CZA, CHL, CST, FEP, FOX, GEN, IPM, MEM, MIN, NAL, NIT, SXT, TET, TZP.	aac(3)-IIa, aac(6')-Ib-cr, aadA1, aadA2, aph(3')-VIa, aph(3'')-Ib, aph(6)-Id, arsRDABC, blaCTX-M-15, blaNDM-1, blaOXA-1, blaSHV-11, blaTEM-1B, catA1, catA3, dfrA12, dfrA14, fosA, mph(A), oqxA, oqxB, pco-ABCDRSE, silESRCBAP, sul1, sul2, tetA.	PCR; Sanger; WGS.	Furlan <i>et al.</i> , 2023.
São Paulo - SP. Esgoto bruto de estação de tratamento.	MDR <i>Citrobacter freundii</i> ST522, MDR <i>Klebsiella pneumoniae</i> ST258 O1/O2v2:KL107.	β-lactâmicos, quinolonas, antifolatos e nitrofuranos.	blaCTX-M-14, blaGES-7, blaKPC-2, blaKPC-157, blaKPC-181, blaOXA-9, blaTEM-1A, dfrA21, merEDAC, sul1, entre outros.	WGS.	Furlan <i>et al.</i> , 2025a.
São Bernardo do Campo – SP. Esgoto bruto de estação de tratamento.	<i>Comamonas resistens</i> .	AMK, AMC, ATM, CAZ, CIP, CRO, CST, CXM, ETP, FEP, GEN, MEM, SXT.	aac(6')-Ib3, aph(3')-XV, blaGES-5, blaOXA-17, cop operon, mer operon, qacE, qacH, sul1.	WGS.	Furlan <i>et al.</i> , 2025b.
Sertãozinho - SP. Água do riacho Ribeirão do Sertãozinho.	XDR <i>Acinetobacter baumannii</i> ST79/ST233.	AMK, CAZ, CIP, CRO, FEP, GEN, IPM, MEM, SAM, SXT, TZP.	aadA1, aph(3')-VIa, aph(3')-Ib, aph(6)-Id, blaADC-182, blaOXA-23, blaOXA-65, blaTEM-1A, dfrA1, sat2, sul2.	PCR; Sanger; WGS.	Furlan <i>et al.</i> , 2025c.
Campo Grande – MS. Esgoto hospitalar, industrial, universitário, urbano, bem como esgoto lançado em córrego.	Complexo <i>Enterobacter cloacae</i> , <i>Klebsiella pneumoniae</i> subespécies <i>pneumoniae</i> e <i>ozaenae</i> , <i>Klebsiella oxytoca</i> , <i>Citrobacter farmeri</i> , <i>Kluyvera intermedia</i> (todas MDR).	AMK, AMC, ATM, CAZ, CIP, CRO, C/T, CZA, ETP, FEP, GEN, IPM, MEM, TZP.	blaKPC-2.	PCR; Sanger.	Gonçalves <i>et al.</i> , 2024.
Brasília - DF. Lago Paranoá.	MDR <i>Klebsiella pneumoniae</i> ST 5236 KL45:O1v2	ATM, CIP, FEP, IPM, LOM, LVX, MEM, NOR, OFX, TIC, TZP.	acrAB, arsC, blaCTX-M-15, blaKPC-2, blaSHV-121, emrD, entABCEF, fepABCDG, fes, fieF, fimABCDEFGH-IJK, fosA, iroE, kdeA, mrkABCDFH-IJ, oqxAB, tle1, tli1, tssBCDFGHIJKLM, ybdA.	Sanger; NGS.	Janssen <i>et al.</i> , 2021.
Curitiba – PR. Esgoto hospitalar pré-tratado (cloração).	<i>Klebsiella pneumoniae</i> , <i>Escherichia coli</i> , <i>Pseudomonas aeruginosa</i> , <i>Acinetobacter baumannii</i> , <i>Enterobacter cloacae</i> , <i>Enterobacter kobei</i> , <i>Enterococcus faecalis</i> , <i>Enterococcus faecium</i> .	CAZ, CIP, CTX, ETP, FEP, GEN, IPM, MEM, PMB.	aac(3)-IIa, aac(6')-Ib-cr, aac(6')-Id-Hangzhou, acrR, aph(3'')-Ib, blaCTX-M-15, blaGES-5, blaKPC-2, blaKPC-3, blaNDM-1, blaOXA-486, blaPAO, gyrA, gyrB, mcr-9 (polimixina), ompK35, ompK36, ompK37, oqxAB, qnrB1, qnrB2, qnrE1, qnrS1, qnrVC, ramR.	PCR; WGS.	Krul <i>et al.</i> , 2025.
São Paulo – SP. Água dos rios Tietê e Pinheiros.	MDR <i>Acinetobacter baumannii</i> (clon internacional 5 - ST79 Pasteur).	AMK, CAZ, CIP, CRO, CTX, FEP, GEN, IPM, LVX, MEM, SXT, TOB, TZP.	aph(3')-VIa, aph(3'')-Ib, aph(6)-Id, blaADC-182, blaOXA-23, blaOXA-65, blaTEM-1A, dfrA1, floR, GyrA (S81L), ParC (V104I, D105E), sul1.	WGS.	Martins-Gonçalves <i>et al.</i> , 2025.
Areia, Araçagi, Bananeiras, Boqueirão, Cajazeiras, Condado, Coremas, Itatuba, Sousa – PB. Água dos rios Paraíba, Piranhas e Mamanguape.	<i>Salmonella enterica</i> (diversos sorovares).	TSA não realizado.	aac(3)-Via, aadA1, aph(3')-Ia, aph(3'')-Ib, aph(6)-Id, blaCMY-2, fosA7.2, fosL1, mdsA, mdsB, qnrB19, qnrS1, sul1, sul2, tet(A).	WGS.	Monte <i>et al.</i> , 2025.

Local/Amostra	Microorganismos	Resistência	Genes	Método	Autoria
Rio de Janeiro - RJ. Esgoto bruto e tratado de estações de tratamento urbanas, industriais e hospitalares.	XDR/MDR <i>Klebsiella pneumoniae</i> ST11 and ST244.	AMK, ATM, CAZ, CIP, ETP, FEP, IPM, MEM, SXT, TET, TZP.	blaKPC, blaNDM, blaOXA-370.	PCR; Sanger.	Montenegro <i>et al.</i> , 2023.
Santa Maria de Jetibá – ES. Água do rio Caramuru (a montante/jusante de fazendas); cama de aviário; solo de lavouras; água de lago para irrigação; fezes de cães; fezes de suínos; swabs de banheiros públicos; moscas domésticas; água de bebedouro escolar.	MDR <i>Pseudomonas spp.</i> , <i>Acinetobacter spp.</i> , MDR <i>Enterobacter spp.</i> , <i>Enterococcus spp.</i> , MDR <i>Enterococcus faecium</i> , MDR <i>Escherichia coli</i> , <i>Klebsiella pneumoniae</i> , <i>Ralstonia pickettii</i> , <i>Stenotrophomonas maltophilia</i> , <i>Aeromonas jandaei</i> , <i>Tissierella praecuta</i> , <i>Cupriavidus pauculus</i> , <i>Kurthia gibsonii</i> .	AMP, CIP, CRO, CXM, ETP, IPM, MEM, PMB.	blaTEM-like, bla-CTX-M-½-like.	PCR.	Mothé <i>et al.</i> , 2025.
Belém – PA. Esgoto bruto de canal, pertencente à Bacia do Rio Una, recebe diversos efluentes.	<i>Klebsiella spp.</i> , <i>Enterobacter spp.</i> , <i>Citrobacter spp.</i> , <i>Cronobacter spp.</i> , <i>Salmonella spp.</i> , <i>Shigella spp.</i> , <i>Yersinia spp.</i> , <i>Escherichia spp.</i> , <i>Phytobacter spp.</i> , outras <i>Enterobacteriaceae</i> , <i>Acinetobacter spp.</i> , <i>Pseudomonas spp.</i> , <i>Aeromonas spp.</i> , <i>Fusobacterium spp.</i> , <i>Paenibacillus spp.</i> , <i>Streptobacillus spp.</i> , <i>Clostridium spp.</i> , <i>Acidovorax spp.</i> , <i>Moraxella spp.</i> , <i>Streptococcus spp.</i> , entre outras.	TSA não realizado.	AcrE, AcrF, acrA E coli, acrB, acrD, AcrS, ACT-8, aadA, aadA1, aadA2, aadA3, aadA5, aadA6, ampC E coli B-lactam, ANT(2'')-Ia, ANT(3'')-IIa, APH(3')-Ia, APH(3'')-IIIa, aph(3'')-Ib, aph(6)-Id, arr-3, baeR, baeS, blaCfxA6, blaGES-5, blaKPC-2, blaOXA-1, blaOXA-10, blaOXA-2, blaTEM-1, catB3, cmlA5, cpxA, CRP, dfrA12, dfrA14, dfrA15b, dfrA17, dfrA21, dfrF, emrA, emrB, emrR, eptA, ErmB, ErmF, evgA, FosA5, FosA6, gadX, H-NS, KpnH K pneumoniae, marA, marR E coli mutant, mdfA E coli, mdtE, mdtF, mdtN, mdtO, mdtP, mphA, mphE, mphG, msbA, msrE, qacEdelta1, qacL, QnrD1, QnrS2, QnrVC1, QnrVC4, SAT-2, sul1, sul2, tet(39), tet(40), tet(C), tetO, tetW, tetX, entre outros.	NGS; metagenômica.	Ramos <i>et al.</i> , 2024.
Cajazeiras, Sousa, Coremas, Mãe d'Água, Condado, Boqueirão, Itatuba, Areia, Bananeiras e Araçagi – PB. Água dos rios (bacias) Paraíba, Piranhas e Mamanguape.	<i>Salmonella enterica</i> , raros sorovares: <i>Carrau</i> , <i>Oran</i> , <i>Gaminara</i> , <i>Urbana</i> , <i>Lille</i> , <i>Free-town</i> , <i>Businga</i> , <i>Bullbay</i> , <i>Lomita</i> , <i>Mikawasima</i> , <i>Adelaide</i> , entre outros diversos.	ENR, GEN, NAL.	aac(6')-Iaa, fosA7, mdsA, mdsB, parC:p.T57S, qnrB19.	WGS.	Rocha <i>et al.</i> , 2025.
Goiânia, Itauçu, Brazabrantes, Pontalina, Cachoeira Dourada – GO. Esgoto (bruto e tratado) da estação de tratamento e água do rio Meia Ponte (a montante/jusante).	<i>Staphylococcus aureus</i> (fenótipos MRSA, MDR, XDR, PDR).	CHL, CIP, CLI, ERY, FOX, GEN, RIF, SXT, TET.	mecA.	PCR.	Santos <i>et al.</i> , 2025.
Belém - PA. Esgoto bruto de canais de drenagem, bem como de água superficial, pertencentes às bacias hidrográficas Una, Tucunduba, Tamandaré e Estrada Nova.	473 Famílias: <i>Campylobacteraceae</i> , <i>Moraxellaceae</i> , <i>Enterobacteriaceae</i> , <i>Pseudomonadaceae</i> , <i>Burkholderiaceae</i> , <i>Clostridiaceae</i> , <i>Yersiniaceae</i> , <i>Neisseriaceae</i> , <i>Enterococcaceae</i> , <i>Staphylococcaceae</i> , <i>Streptococcaceae</i> , <i>Aerococcaceae</i> , <i>Peptostreptococcaceae</i> , <i>Mycobacteriaceae</i> , <i>Helicobacteriaceae</i> , <i>Spirochaetaceae</i> , <i>Aeromonadaceae</i> , entre outras.	TSA não realizado.	AAC(6')-Ia, aadA, aadA11, aadA14, aadA2, aadA3, aadA5, aadS, APH(3'')-Ib, APH(3'')-IIIa, APH(6)-Id, arr-2, blaKPC, blaOXA-23-like, blaOXA-24-like, blaOXA-51-like, blaOXA-58-like, CARB-4, catB3, catI, catQ, CfxA2, CfxA6, cmlA4, dfrA15b, dfrA21, dfrF, emrR, EreA, ErmF, E. coli_ ampC, evgA, GES-1, GES-5, H-NS, mphE, mphG, msrE, NPS-1, OXA-1, OXA-10, OXA-119, OXA-2, OXA-4, OXA-9, qacEdelta1, qacL, QnrB19, QnrS2, QnrVC1, QnrVC4, SAT-2, sul1, sul2, TEM-1, tet(39), tet(C), tet(D), tet(O), tet(Q), tet(W), tet(X), VEB-3.	PCR; WGS; NGS; metagenômica.	Siqueira <i>et al.</i> , 2024.

Local/Amostra	Microrganismos	Resistência	Genes	Método	Autoria
Região Metropolitana de Belo Horizonte – MG. Esgoto bruto hospitalar e esgoto bruto tratado de uma estação de tratamento.	<i>Escherichia coli</i> , <i>Enterobacter cloacae</i> , <i>Enterobacter kobei</i> , <i>Enterobacter asburiae</i> , <i>Enterococcus faecium</i> , <i>Klebsiella pneumoniae</i> , <i>Klebsiella oxytoca</i> , <i>Kluyvera cryocrescens</i> , <i>Pseudomonas fulva</i> , <i>Pseudomonas rhodesiae</i> , <i>Pseudomonas nitroreducens</i> , <i>Pseudomonas otitidis</i> , <i>Pseudomonas putida</i> , <i>Stenotrophomonas maltophilia</i> , <i>Acinetobacter johnsonii</i> , <i>Wautersiella falsenii</i> , <i>Aeromonas caviae</i> , <i>Aeromonas hydrophila</i> , <i>Rothia mucilaginosa</i> .	AMC, AMX, AZM, CIP, CN, ERY, ETP, IPM, MEM, STR, SXT, TET.	blaTEM, ermB, intl1, qnrB, sul1.	PCR.	Vasquez et al., 2025.
Ribeirão Preto - SP. Esgoto bruto hospitalar e bruto tratado de uma estação de tratamento.	MDR <i>Klebsiella pneumoniae</i> , <i>Klebsiella oxytoca</i> , <i>Pseudomonas aeruginosa</i> , MDR <i>Escherichia coli</i> , <i>Serratia liquefaciens</i> , <i>Raoultella ornithinolytica</i> , <i>Haflnia alvei</i> , <i>Enterobacter cloacae</i> , <i>Citrobacter amalonaticus</i> , <i>Serratia fonticola</i> , <i>Providencia rettgeri</i> , <i>Klebsiella ozaenae</i> , <i>Citrobacter koseri</i> , <i>Acinetobacter baumannii</i> .	AMC, AMX, AMP, ATM, CAZ, CHL, CIP, CTX, ETP, FEP, FOX, GEN, IPM, MEM, SXT, TET.	blaCTX-M-1, blaCTX-M-8, blaKPC, blaSHV, blaTEM.	PCR.	Zagui et al., 2020.

AMC: Amoxicilina + ácido clavulânico; AMK: Amicacina; AMX: Amoxicilina; AMP: Ampicilina; ATM: Aztreonam; AZM: Azitromicina; CAZ: Ceftazidima; CFZ: Cefazolina; CHL: Cloranfenicol; CIP: Ciprofloxacino; CLI: Clindamicina; CN: Cefalexina; CPT: Ceftarolina; CRO: Ceftriaxona; CST: Colistina; CTX: Cefotaxima; C/T: Ceftolozana + tazobactam; CXM: Cefuroxima; CZA: Ceftazidima + avibactam; ENR: Enrofloxacin; ERY: Eritromicina; ETP: Ertapenem; FEP: Cefepima; FOX: Cefoxitina; GEN: Gentamicina; IPM: Imipenem; LOM: Lomefloxacino; LVX: Levofloxacino; LZD: Linezolida; MDR: multidrug-resistant; MEM: Meropenem; MIN: Minociclina; NAL: Ácido nalidíxico; NGS: Next-generation sequencing; NIT: Nitrofurantoína; NOR: Norfloxacino; OFX: Ofloxacino; PCR: Reação em cadeia da polimerase; PMB: Polimixina B; RIF: Rifampicina; SAM: Ampicilina + sulbactam; STR: Estreptomicina; SXT: Sulfametoxazol + trimetoprima; TEC: Teicoplanina; TET: Tetraciclina; TIC: Ticarcilina + clavulanato; TOB: Tobramicina; TSA: Teste de susceptibilidade a antimicrobianos; TZP: Piperacilina + tazobactam; VAN: Vancomicina; VRE: vancomycin-resistant *Enterococcus*; WGS: Whole-genome sequencing; XDR: extensively drug-resistant.

Fonte: Autoria própria (2026).

Ao todo, pelo menos 40 espécies bacterianas foram identificadas, distribuídas em 34 gêneros, em amostras de esgoto bruto e tratado, de rios e de lagos obtidas de todas as regiões do Brasil, incluindo o Distrito Federal. Visando a uma melhor apresentação dos dados na tabela, não foi possível mencionar todas as espécies bacterianas encontradas. Somente no estudo de Siqueira *et al.* (2024), por exemplo, foram identificadas 473 famílias de bactérias em amostras de esgoto e de um rio na cidade de Belém, Pará. Considerando todas as amostras, as *Enterobacterales* foram as bactérias mais frequentes, com destaque para *Klebsiella pneumoniae*, *Enterobacter cloacae*, *Escherichia coli* e *Salmonella enterica*. Bacilos Gram-negativos não fermentadores (BGNNF) também se sobressaíram nos resultados, principalmente *Pseudomonas aeruginosa* e *Acinetobacter baumannii*. Quanto às bactérias Gram-positivas, as principais encontradas foram *Staphylococcus aureus*, *Streptococcus spp.* E diferentes espécies de enterococos.

Em relação ao perfil de susceptibilidade a antimicrobianos dos microrganismos encontrados nos estudos, houve resistência a 46 diferentes fármacos, envolvendo carbapenêmicos (meropenem, imipenem, ertapenem), cefalosporinas de 1ª a 5ª geração (cefazolina, cefuroxima, cefoxitina, cefepima, ceftarolina, entre outras), outros β-lactâmicos (aztreonam, penicilinas), quinolonas, aminoglicosídeos e mais 10 grandes classes de antimicrobianos. Dos 20 trabalhos, 3 não realizaram teste de susceptibilidade a antimicrobianos (TSA), mas identificaram a presença de diversos genes de resistência nos seus isolados bacterianos.

No que diz respeito ao resistoma dos diferentes isolados bacterianos, houve um total de aproximadamente 180 genes, com destaque para genes codificadores de β-lactamases, inclusive várias β-lactamases de espectro estendido (Extended-Spectrum β-Lactamases, ESBL) e carbapenemases: CTX-M, TEM, SHV, OXA, GES, KPC, NDM, SPM; genes codificadores para enzimas modificadoras de aminoglicosídeos (Aminoglycoside-Modifying Enzymes, AME): acetiltransferases aac, nucleotidiltransferases ant, fosfotransferases aph; expressão de proteínas de resistência a quinolonas: ram, gyr, família Qnr; genes para resistência a sulfonamidas/trimetoprima: sul, dfr; macrolídeos/lincosamidas: Ere, erm, mph, msr, lsa; tetraciclinas: tet; polimixinas: mcr-9, eptA; vancomicina: vanA; entre outros. Também foram

encontrados genes de resistência a arsênio (ars), cobre (cop, pco), mercúrio (mer), prata (sil), zinco (fieF), biocidas (qac); genes codificadores de bombas de efluxo: acr, emr, mdf, mdt, msb, oqx; genes para fatores de virulência: ent, fep, fes, fim, iroE, mrk, tle, tli, tss; e genes regulatórios: acrR, baeR, baeS, cpxA, CRP, evgA, evqA, gadX, H-NS, kdeA, KpnH, marA, marR, ramR, ybdA. A abordagem laboratorial utilizada para identificação desses genes foi, principalmente, a reação em cadeia da polimerase (Polymerase Chain Reaction, PCR) e o sequenciamento de genoma completo (Whole-Genome Sequencing, WGS). 2 trabalhos, os que mais identificaram genes, utilizaram também abordagem por metagenômica.

Entre os diversos microrganismos listados neste trabalho, encontrados em amostras ambientais no Brasil, foi preocupante a identificação de bactérias de grande importância médica e veterinária, como: *Enterococcus faecalis* resistente à vancomicina (Vancomycin-resistant *Enterococcus*, VRE) (Farias *et al.*, 2023); uma *Klebsiella pneumoniae* extensivamente resistente (XDR) pertencente ao clone de alto risco ST340 O4:KL15 (Furlan *et al.*, 2023.); uma outra *Klebsiella pneumoniae*, multi-droga resistente (MDR), pertencendo ao clone de alto risco ST258 O1/O2v2:KL107 (Furlan *et al.*, 2025a); *Acinetobacter baumannii* XDR, clone de alto risco ST79/ST233 KL9-OCL10 (Furlan *et al.*, 2025c); Complexo *Enterobacter cloacae* MDR (Gonçalves *et al.*, 2024); *Klebsiella pneumoniae* MDR clone de alto risco ST147, envolvida com surtos hospitalares a nível mundial e potencial epidêmico (Montenegro *et al.*, 2023); Gênero *Yersinia* (Ramos *et al.*, 2024); diversos sorovares de *Salmonella enterica* (Rocha *et al.*, 2025); *Staphylococcus aureus* resistente à metilicina (MRSA) pan-droga resistente (Santos *et al.*, 2025); famílias *Enterobacteriaceae*, *Campylobacteraceae*, *Moraxellaceae*, *Burkholderiaceae*, *Clostridiaceae*, *Yersiniaceae*, *Neisseriaceae*, *Staphylococcaceae*, *Streptococcaceae*, *Mycobacteriaceae*, *Helicobacteraceae*, *Spirochaetaceae*, entre outras (Siqueira *et al.*, 2024). Também foi relatada a presença de microrganismos de grande importância em saúde pública em águas superficiais não poluídas, como o lago Paranoá, em Brasília, Distrito Federal (*Klebsiella pneumoniae* MDR) (Janssen *et al.*, 2021); o rio Pardo, zona rural de Guaíra, São Paulo (*Klebsiella pneumoniae* XDR) (Furlan *et al.*, 2023); e os rios Paraíba, Piranhas e Mamanguape, todos na Paraíba (*Salmonella enterica*, diversos sorovares) (Monte *et al.*, 2025; Rocha *et al.*, 2025).

Resultados semelhantes foram obtidos na América Latina (México), em que Velazquez-Meza *et al.* (2025) também identificaram em amostras de esgoto hospitalar e urbano *Acinetobacter baumannii*, *Burkholderia* spp., *Campylobacter* spp., *Citrobacter freundii*, *Clostridioides* spp., *Comamonas* spp., *Enterobacter cloacae*, *Enterococcus* spp., *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Moraxella* spp., *Neisseria* spp., *Pseudomonas aeruginosa*, *Ralstonia* spp., *Serratia* spp., *Staphylococcus* spp., *Stenotrophomonas* spp., *Streptococcus* spp. E mais 1837 gêneros bacterianos. Ainda na América Latina (Chile), Bartholin, Vega e Silva (2023) encontraram em rios, lagos e em uma cachoeira *Pseudomonas aeruginosa*, *Acinetobacter* spp., *Comamonas* spp., *Enterobacter cloacae*, *Serratia marcescens*, *Stenotrophomonas maltophilia*, entre outras espécies. No Caribe (Haiti), Roy *et al.* (2018) também identificaram em rios os gêneros *Acinetobacter* e *Pseudomonas*.

Já a nível global, Munk *et al.* (2022) identificaram em amostras de esgoto de 101 países *Klebsiella spp.*, *Pseudomonas spp.*, *Acinetobacter spp.*, *Staphylococcus spp.*, *Streptococcus spp.*, *Enterococcus spp.*, *Neisseria spp.* E mais 962 gêneros bacterianos. Paralelamente, Yin *et al.* (2023), por meio de metagenômica comparativa, relataram em 7 continentes (incluindo a América do Sul), utilizando amostras de esgoto, rios, lagos, entre outras, a presença de *Pseudomonas spp.*, *Mycobacterium spp.*, *Burkholderia spp.*, *Stenotrophomonas spp.*, *Streptococcus spp.*, *Ralstonia spp.*, *Escherichia spp.* E mais 1782 gêneros bacterianos.

De fato, a água pode servir como um veículo para o transporte de contaminantes emergentes, como pesticidas, fármacos, nanopartículas, bactérias resistentes a antimicrobianos e genes relacionados, entre outros (Krul *et al.*, 2025). Neste sentido, a contaminação de sistemas hídricos em decorrência de atividades humanas, industriais e agrícolas já foi relatada (Sambaza; Naicker, 2023). As águas residuais são os efluentes domésticos (excretas, excrementos, água do banho e da cozinha); comerciais; industriais; agroalimentares; institucionais (incluindo hospitais) e/ou a água de escoamento (Programa das Nações Unidas para o Meio Ambiente, 2023). Elas constituem um sistema complexo onde há presença de nutrientes e resíduos, bem como o estabelecimento de relações ecológicas entre comunidades microbianas (Barros *et al.*, 2024). Além de bactérias resistentes aos antimicrobianos e genes de resistência aos mesmos, o esgoto é comumente um reservatório para microrganismos de grande importância no contexto da RAM, como o grupo ESKAPE: gênero *Enterococcus*, *Staphylococcus aureus*, *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii*, *Pseudomonas aeruginosa* e *Enterobacter spp.* (Sambaza; Naicker, 2023). Mesmo após o tratamento dessa matriz complexa, ainda é possível que haja a presença dessas bactérias resistentes e seus genes relacionados, uma vez que a finalidade das estações de tratamento de esgoto (ETE) é a eliminação de resíduos orgânicos e inorgânicos da água e não necessariamente a remoção desses microrganismos ou dos resíduos de antibióticos (Gonçalves *et al.*, 2024). Adicionalmente, não há no Brasil legislação específica que estabeleça parâmetros físico-químicos e microbiológicos para águas residuais (Ramos *et al.*, 2024) e mais da metade de todos os municípios brasileiros descartam esgoto não tratado na natureza (Zagui *et al.*, 2020).

A resistência aos antimicrobianos impacta negativamente e de maneira considerável a saúde pública, uma vez que torna as opções de tratamento das infecções bacterianas ainda mais limitadas (Li *et al.*, 2022). Fármacos utilizados como última linha de tratamento para infecções por bactérias resistentes a antimicrobianos incluem, entre outros compostos, a vancomicina, os carbapenêmicos e as polimixinas (Li *et al.*, 2022). Uma outra classe utilizada nesse contexto é as cefalosporinas, as quais tratam infecções que variam de leves a graves (Lin; Kück, 2022) e até aquelas causadas por agentes resistentes aos carbapenêmicos, a exemplo do cefiderocol (Bui; Patel; Preuss, 2024). No presente trabalho foi frequente a resistência aos carbapenêmicos (Barros *et al.*, 2024; Furlan *et al.*, 2023; Furlan *et al.*, 2025b; Furlan *et al.*, 2025c; Gonçalves *et al.*, 2024; Janssen *et al.*, 2021; Krul *et al.*, 2025; Martins-Gonçalves *et al.*, 2025; Montenegro *et al.*, 2023; Mothé *et al.*, 2025; Vasquez *et*

al., 2025); bem como às cefalosporinas (Barros *et al.*, 2024; Conte *et al.*, 2020; Furlan *et al.*, 2023; Furlan *et al.*, 2025a; Furlan *et al.*, 2025b; Furlan *et al.*, 2025c; Gonçalves *et al.*, 2024; Janssen *et al.*, 2021; Krul *et al.*, 2025; Martins-Gonçalves *et al.*, 2025; Montenegro *et al.*, 2023; Mothé *et al.*, 2025; Santos *et al.*, 2025; Vasquez *et al.*, 2025; Zagui *et al.*, 2020). Ainda, de modo alarmante, foi relatada resistência à vancomicina em esgoto urbano tratado (Farias *et al.*, 2023) e resistência à polimixina B em esgoto hospitalar pré-tratado com cloração (Krul *et al.*, 2025), tanto quanto em amostras de rio, cama de aviário, piso de pocilga, solo de lavouras de café e de maracujá e superfície de um sanitário feminino (Mothé *et al.*, 2025).

As famílias de genes de resistência a antimicrobianos blaKPC, blaTEM e blaCTX-M estiveram entre os grupos mais frequentes nos isolados bacterianos ambientais listados neste estudo. As KPC, *Klebsiella pneumoniae carbapenemases*, são as mais frequentes e disseminadas entre as carbapenemases; hidrolisam não somente carbapenêmicos, mas a maioria dos β -lactâmicos, incluindo as cefalosporinas; e são encontradas em *Enterobacterales*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Acinetobacter baumannii* e *Klebsiella pneumoniae*, esta última sendo a bactéria que mais produz esse tipo de enzima (Ding *et al.*, 2023). No presente trabalho, o gene para carbapenemase mais frequente foi o blaKPC-2, o qual codifica uma carbapenemase selvagem de mesmo nome, KPC-2, mundialmente disseminada, cujas variantes são endêmicas na América Latina, tendo já sido relatada no Brasil em *Enterobacterales* isoladas de animais de companhia, alimentos e meio ambiente (Furlan *et al.*, 2025a). Da família blaTEM, os genes blaTEM-1 foram os mais frequentes. A expressão desses genes confere resistência a penicilinas, como ampicilina e amoxicilina, já documentada em *Salmonella enterica* e *Escherichia coli*, bem como às cefalosporinas (Farooq *et al.*, 2025). Quanto à família blaCTX-M, o gene blaCTX-M-15 foi o mais relatado. As CTX-M são ESBL descritas em vários microrganismos, incluindo *Enterobacterales*, *Acinetobacter* spp. e *Pseudomonas* spp., sendo a CTX-M-15 a mais comum deste tipo em *Escherichia coli* (Caméléna *et al.*, 2024).

O compartilhamento de genes de resistência a antimicrobianos entre bactérias no esgoto ocorre devido à grande quantidade de matéria orgânica em decomposição somada a antibióticos remanescentes nesse ambiente (Ramos *et al.*, 2024). Esses fármacos se depositam nos ecossistemas e transitam entre diferentes organismos, levando à formação de reservatórios de genes de resistência (Conte *et al.*, 2020). Por sua vez, esses genes, os quais não são possíveis de serem degradados, são compartilhados entre diferentes bactérias via transferência horizontal de genes (Gonçalves *et al.*, 2024). O objetivo maior das estações de tratamento de esgoto comuns não é remover contaminantes biológicos, como bactérias resistentes a antimicrobianos e seus genes relacionados. Ainda é possível que a subsequente disseminação desses agentes no meio ambiente seja ainda mais agravada em regiões subdesenvolvidas, dadas as questões governamentais, econômicas e geográficas (Vasquez *et al.*, 2025).

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Ante todos os dados e discussão referentes à presença de diferentes genes de resistência a antimicrobianos, bem como bactérias de grande importância em saúde pública com variados perfis de resistência a antibióticos em amostras ambientais de águas residuais e superficiais no Brasil, faz-se necessário o desenvolvimento de novas tecnologias para o tratamento de efluentes, mas principalmente o estabelecimento de políticas públicas visando o descarte adequado destes resíduos, uso racional de antimicrobianos na medicina humana e veterinária, criação de programas de vigilância de RAM com perspectiva One Health, ampliação do número de estações de tratamento de esgoto e do saneamento básico no país.

REFERÊNCIAS

- AL-KHALAIFAH, H.; RAHMAN, M. H.; AL-SURRAYAI, T.; AL-DHUMAIR, A.; AL-HASAN, M. **A One-Health Perspective of Antimicrobial Resistance (AMR): human, animals and environmental health**. *Life*, v. 15, n. 10, 2025. DOI: <https://doi.org/10.3390/life15101598>.
- ASLAM, B.; KHURSHID, M.; ARSHAD, M. I.; MUZAMMIL, S.; RASOOL, M.; YASMEEN, N.; SHAH, T.; CHAUDHRY, T. H.; RASOOL, M. H.; SHAHID, A.; XUESHAN, X.; BALOCH, Z. Antibiotic resistance: One Health One World outlook. **Frontiers in Cellular and Infection Microbiology**, 2021. DOI: <https://doi.org/10.3389/fcimb.2021.771510>.
- BALLASH, G. A.; PARKER, E. M.; MOLLENKOPF, D. F.; WITTUM, T. E. The One Health dissemination of antimicrobial resistance occurs in both natural and clinical environments. **Journal of the American Veterinary Medical Association**, 2024. DOI: <https://doi.org/10.2460/javma.24.01.0056>.
- BARROS, V. M. de; ROCHA, B. S. da; RHODEN, J.; STEIN, J. F.; PICOLI, S. U.; RIGOTTO, C. Detection of metallo-beta-lactamase-producing genes blaSPM and blaNDM in *Pseudomonas aeruginosa* isolated from wastewater in Southern Brazil. **Journal of Water and Health**, v. 22, n. 4, p. 689, 2024. DOI: <https://doi.org/10.2166/wh.2024.305>.
- BARTHOLIN, M. J.; BARRERA VEGA, B.; BERROCAL SILVA, L. Antibiotic-resistant bacteria in environmental water sources from Southern Chile: a potential threat to human health. **Microbiology Research**, v. 14, n. 4, 2023. DOI: <https://doi.org/10.3390/microbiolres14040121>.
- BERTRAM, M. G.; COSTI, M. P.; THORÉ, E. S. J.; SABO-ATTWOOD, T.; BROOKS, B. W. One Health. **Current Biology**, v. 34, p. R513–R527, 3 jun. 2024.
- BUI, T.; PATEL, P.; PREUSS, C. V. Cephalosporins. In: STATPEARLS. **StatPearls. Treasure Island (FL): StatPearls Publishing**, 2026. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK551517/>. Acesso em: 22 de maio de 2026.

CAMÉLÉNA, F.; MERIMÈCHE, M.; LIBERGE, M.; MAUBARET, C.; DONAY, J.-L.; TAHA, M.-K.; FOUÉRE, S.; BERÇOT, B. Detection of CTX-M-15 ESBL in XDR *Haemophilus parainfluenzae* from a urethral swab. **Journal of Antimicrobial Chemotherapy**, v. 79, p. 539–545, 2024. DOI: <https://doi.org/10.1093/jac/dkad408>.

CARNEIRO, M.; PILLONETTO, M. Fighting antimicrobial resistance in Brazil: strengthening diagnostic stewardship, antimicrobial stewardship, and policies for a healthier future. **Frontiers in Public Health**, 2025. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpubh.2025.1726000>.

CARVALHO MOTHÉ, D. A.; CASTRO, A. N.; NOVAES, M. Z.; BESSA-NETO, F. O.; CAYÔ DA SILVA, R.; VICENTE, C. R.; BUSS, G.; GONÇALVES, S. S.; SANTOS, K. V. Antimicrobial-resistant bacteria in environmental samples from a rural district focused on large-scale agricultural production. **Tropical Medicine & International Health**, v. 30, p. 1269–1282, 2025. DOI: <https://doi.org/10.1111/tmi.70033>.

CONTE, D.; PALMEIRO, J. K.; BAVAROSKI, A. A.; RODRIGUES, L. S.; CARDOZO, D.; TOMAZ, A. P.; CAMARGO, J. O.; DALLA-COSTA, L. M. Antimicrobial resistance in *Aeromonas* species isolated from aquatic environments in Brazil. **Journal of Applied Microbiology**, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1111/jam.14965>.

DING, L.; SHEN, S.; CHEN, J.; TIAN, Z.; SHI, Q.; HAN, R.; GUO, Y.; HU, F. *Klebsiella pneumoniae* carbapenemase variants: the new threat to global public health. **Clinical Microbiology Reviews**, v. 36, n. 4, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1128/cmr.00008-23>.

FARIAS, B. O.; MONTENEGRO, K. S.; NASCIMENTO, A. P. A.; MAGALDI, M.; GONÇALVES-BRITO, A. S.; FLORES, C.; MOREIRA, T. C.; NEVES, F. P. G.; BIANCO, K.; CLEMENTINO, M. M. First report of a wastewater treatment-adapted *Enterococcus faecalis* ST21 harboring *vanA* gene in Brazil. **Current Microbiology**, 2024. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00284-023-03418-6>.

FAROOQ, A.; RAFIQUE, A.; HAN, E.; PARK, S.-M. Global dissemination of the beta-lactam resistance gene *bla*TEM-1 among pathogenic bacteria. **Science of the Total Environment**, 2025. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2025.178521>.

FURLAN, J. P. R.; BUENO, G. C.; SOUSA-CARMO, R. R.; SILVA, R. L. O.; BARBOSA, M. R. F.; SATO, M. I. Z.; BRUNETTI, F.; POWER, P.; LINCOPAN, N.; SCHENKMAN, S. KPC-157 and KPC-181 carbapenemases produced by *Citrobacter freundii* ST522 and *Klebsiella pneumoniae* ST258 isolated from wastewater. **Molecular Biology Reports**, 2025. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11033-025-10801-y>.

FURLAN, J. P. R.; BUENO, G. C.; SOUSA-CARMO, R. R.; SILVA, R. L. O.; BARBOSA, M. R. F.; SATO, M. I. Z.; LINCOPAN, N.; SCHENKMAN, S. *Comamonas resistens* co-producing GES-5 and OXA-17 in urban wastewater as a potential novel disseminator of clinically relevant β -lactamases. **Current Microbiology**, 2025. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00284-025-04394-9>.

FURLAN, J. P. R.; RAMOS, M. S.; ROSA, R. S.; SANTOS, L. D. R.; SAVAZZI, E. A.; STEHLING, E. G. Unveiling transposon-mediated multidrug resistance in OXA-23-producing *Acinetobacter baumannii* ST79/ST233 subclone KL9-OCL10 in Brazil. **Gene**, 2025. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.gene.2025.149489>.

FURLAN, J. P. R.; ROSA, R. S.; RAMOS, M. S.; SANTOS, L. D. R.; SAVAZZI, E. A.; STEHLING, E. G. Genomic features of an extensively drug-resistant and NDM-1-positive *Klebsiella pneumoniae* ST340 isolated from river water. **Environmental Science and Pollution Research**, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11356-023-30374-2>.

GBD 2021 ANTIMICROBIAL RESISTANCE COLLABORATORS. Global burden of bacterial antimicrobial resistance 1990–2021: a systematic analysis with forecasts to 2050. **The Lancet**, 2024. DOI: [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(24\)01867-1](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(24)01867-1).

GONÇALVES, D. L. D. R.; CHANG, M. R.; NÓBREGA, G. D.; VENANCIO, F. A.; HIGA JÚNIOR, M. G.; FAVA, W. S. Hospital sewage in Brazil: a reservoir of multidrug-resistant carbapenemase-producing Enterobacteriaceae. **Brazilian Journal of Biology**, 2025. DOI: <https://doi.org/10.1590/1519-6984.277750>.

JANSSEN, L.; ALMEIDA, F. M.; DAMASCENO, T. A. S.; BAPTISTA, R. P.; PAPPAS JR., G. J.; CAMPOS, T. A.; MARTINS, V. A novel multidrug-resistant, non-Tn4401 genetic element-bearing strain of *Klebsiella pneumoniae* isolated from an urban lake with drinking and recreational water reuse. **Frontiers in Microbiology**, 2021. DOI: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.732324>.

KRUL, D.; NEGOSEKI, B. R. S.; SIQUEIRA, A. C.; TOMAZ, A. P. O.; SANTOS, É. M.; SOUSA, I.; VASCONCELOS, T. M.; MARINHO, I. C. R.; AREND, L. N. V. S.; MESA, D.; CONTE, D.; DALLA-COSTA, L. M. Spread of antimicrobial-resistant clones of the ESKAPEE group: from the clinical setting to hospital effluent. **Science of the Total Environment**, 2025. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2025.179124>.

LI, W.; YANG, Z.; HU, J.; WANG, B.; RONG, H.; LI, Z.; SUN, Y.; WANG, Y.; ZHANG, X.; WANG, M.; XU, H. Evaluation of culturable “last-resort” antibiotic-resistant pathogens in hospital wastewater and implications on the risks of nosocomial antimicrobial resistance prevalence. **Journal of Hazardous Materials**, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2022.129477>.

LIN, X.; KÜCK, U. Cephalosporins as key lead generation beta-lactam antibiotics. **Applied Microbiology and Biotechnology**, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00253-022-12272-8>.

MARTINS-GONÇALVES, T. [...] Phylogenomic analysis of aquatic and clinical OXA-23-positive *Acinetobacter baumannii* belonging to the international clone 5 (ST79) from Southeast Brazil. **One Health**, v. 21, p. 101140, 2025. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.onehlt.2025.101140>.

MINISTÉRIO DA SAÚDE (Brasil). Secretaria de Vigilância em Saúde e Ambiente. **Boletim Epidemiológico**. Brasília, DF, v. 55, n. 2, 17 jan. 2024.

MONTENEGRO, K. [...] Occurrence of *Klebsiella pneumoniae* ST244 and ST11 extensively drug-resistant producing KPC, NDM and OXA-370 in wastewater, Brazil. **Journal of Applied Microbiology**, 2024. DOI: <https://doi.org/10.1093/jambio/lxad130>.

MONTE, D. F. M. [...] High prevalence of plasmid-mediated quinolone resistance in *Salmonella enterica* serovars isolated from surface water. **Environmental Microbiology**, 2025. DOI: <https://doi.org/10.1111/1462-2920.70140>.

MUNK, P. [...] Genomic analysis of sewage from 101 countries reveals global landscape of antimicrobial resistance. **Nature Communications**, v. 13, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41467-022-34312-7>.

PITT, S. J.; GUNN, A. The One Health concept. **British Journal of Biomedical Science**, 2024. DOI: <https://doi.org/10.3389/bjbs.2024.12366>.

PROGRAMA DAS NAÇÕES UNIDAS PARA O MEIO AMBIENTE. Bracing for Superbugs: strengthening environmental action in the One Health response to antimicrobial resistance. **Nairobi: United Nations Environment Programme**, 2023. ISBN 978-92-807-4061-5. DOI: <https://doi.org/10.59117/20.500.11822/43142>.

RAMOS, S.; JÚNIOR, E.; ALEGRIA, O.; VIEIRA, E.; PATROCA, S.; CECÍLIA, A.; MOREIRA, F.; NUNES, A. Metagenomics insights into bacterial diversity and antibiotic resistome of the sewage in the city of Belém, Pará, Brazil. **Frontiers in Microbiology**, 2024. DOI: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2024.1466353>.

ROCHA, A. D. L. [...] Surface water as a source of rare *Salmonella enterica* serovars in semiarid northeastern Brazil. **Journal of Environmental Quality**, 2025. DOI: <https://doi.org/10.1002/jeq2.70098>.

ROY, M. A. [...] A metagenomic approach to evaluating surface water quality in Haiti. **International Journal of Environmental Research and Public Health**, v. 15, p. 2211, 2018. DOI: <https://doi.org/10.3390/ijerph15102211>.

SANTOS, I. R. [...] First record of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) isolated from the Meia Ponte River and effluent in Brazil: an analysis of 1198 isolates. **New Microbes and New Infections**, 2025. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.nmni.2025.101603>.

SERNA, C.; GONZALEZ-ZORN, B. Antimicrobial resistance and One Health approach to infection models. **Revista Española de Quimioterapia**, 2022. DOI: <https://doi.org/10.37201/req/s03.09.2022>.

SIQUEIRA, J. A. M. [...] Environmental health of water bodies from a Brazilian Amazon metropolis based on a conventional and metagenomic approach. **Journal of Applied Microbiology**, 2025. DOI: <https://doi.org/10.1093/jambio/lxae101>.

VASQUEZ, L. A.; CARVALHO, A. P. A.; MACHADO, E. C.; LEAL, C. D.; MLADENOV, N.; ARAÚJO, J. C. Investigation of two sewersheds in Belo Horizonte, Brazil reveals hospital and municipal wastewaters in a hospital-dominated

sewershed as priority sources for antibiotic resistance spread to the environment. **Cleaner Water**, 2025. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.clwat.2025.100076>.

VELAZQUEZ-MEZA, M. E. [...] Bacterial communities and resistance and virulence genes in hospital and community wastewater: metagenomic analysis. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 26, n. 5, 2025. DOI: <https://doi.org/10.3390/ijms26052051>.

YIN, X.; LI, L.; CHEN, X.; LIU, Y.-Y.; LAM, T. T.-Y.; TOPP, E.; ZHANG, T. Global environmental resistome: distinction and connectivity across diverse habitats benchmarked by metagenomic analyses. **Water Research**, v. 241, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.watres.2023.119875>.

ZAGUI, G. S.; ANDRADE, L. N.; MOREIRA, N. C.; SILVA, T. V.; MACHADO, G. P.; DARINI, A. L. C.; SEGURA-MUÑOZ, S. I. Gram-negative bacteria carrying β -lactamase encoding genes in hospital and urban wastewater in Brazil. **Environmental Monitoring and Assessment**, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10661-020-08319-w>.