



<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2020: SIC - XXXII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2020
<b>Local</b>	Virtual
<b>Título</b>	Detecção de bactérias resistentes a fármacos em amostras de água
<b>Autor</b>	GABRIEL SOUTO DE OLIVEIRA
<b>Orientador</b>	ROBERTA DA SILVA BUSSAMARA RODRIGUES

## Detecção de bactérias resistentes a fármacos em amostras de água

**Autor:** Gabriel Souto de Oliveira

**Orientador:** Prof. Dra. Roberta da Silva Bussamara Rodrigues  
Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS).

Os medicamentos da classe dos antibióticos vêm sendo de grande ajuda ao combate de microrganismos que causam enfermidades. Contudo, o uso errôneo e exacerbado somado ao descarte incorreto destes fármacos contribuíram para o desenvolvimento de bactérias super resistentes aos mesmos. O objetivo deste projeto é detectar e quantificar a presença de bactérias e genes de resistência a quatro classes de fármacos (Sulfonamidas,  $\beta$ -Lactâmicos, Eritromicinas e Quinolonas) no Arroio Dilúvio localizado em Porto Alegre (RS). As amostras de água foram coletadas nos meses de junho e setembro do ano de 2018. A primeira etapa das análises foi a filtração das amostras, com o intuito de concentrar as células bacterianas contidas na água, em um filtro de membrana de celulose. Ao final dessa etapa, os filtros e suas respectivas células retidas foram armazenados a  $-84^{\circ}\text{C}$ . A etapa seguinte consistiu na extração do DNA da célula bacteriana, para isso foi-se utilizado o Power Soil DNA Isolation kit (Mobio, USA). A seguir, o DNA extraído, através do Nano Drop Lite Spectrophotometer (Thermo Fisher Scientific, USA), teve sua concentração e qualidade determinada. Por fim, afim de localizar e amplificar os genes de resistência das classes de fármacos citadas, o DNA extraído foi submetido a análise pela técnica de Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) em tempo real. Ao término das análises, os resultados obtidos nos mostraram que todas as amostras coletadas em junho e setembro de 2018 apresentaram genes de resistência às quatro classes de fármacos avaliadas e que o gene em maior abundância foi o referente aos antibióticos da classe dos  $\beta$ -Lactâmicos.