

MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO
UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DO SEMI-ÁRIDO
DEPARTAMENTO DE CIÊNCIAS ANIMAIS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIA ANIMAL

**DETECÇÃO DE BACTÉRIAS MULTIRRESISTENTES EM FÊMEAS
SELVAGENS DE TARTARUGA-DE-PENTE (*Eretmochelys imbricata*) NO
LITORAL DO RIO GRANDE DO NORTE**

ELOISA ESTEFANNY ARAÚJO SANTOS

MOSSORÓ-RN

2026

ELOISA ESTEFANNY ARAÚJO SANTOS

**DETECÇÃO DE BACTÉRIAS MULTIRRESISTENTES EM FÊMEAS
SELVAGENS DE TARTARUGA-DE-PENTE (*Eretmochelys imbricata*) NO
LITORAL DO RIO GRANDE DO NORTE**

Dissertação apresentada ao Mestrado em
Ciência Animal do Programa de Pós-Graduação
em Ciência Animal da Universidade Federal
Rural do Semi-Árido como requisito para
obtenção do título de Mestre em Ciência Animal.

Linha de Pesquisa: Morfofisiologia e
Biotecnologia Animal

Orientador: Prof. Dr. Carlos Eduardo Bezerra de
Moura

Co-orientador: Prof. Dr. Caio Augusto Martins
Aires

MOSSORÓ

2026

© Todos os direitos estão reservados a Universidade Federal Rural do Semi-Árido. O conteúdo desta obra é de inteira responsabilidade do (a) autor (a), sendo o mesmo, passível de sanções administrativas ou penais, caso sejam infringidas as leis que regulamentam a Propriedade Intelectual, respectivamente, Patentes: Lei nº 9.279/1996 e Direitos Autorais: Lei nº 9.610/1998. O conteúdo desta obra tomar-se-á de domínio público após a data de defesa e homologação da sua respectiva ata. A mesma poderá servir de base literária para novas pesquisas, desde que a obra e seu (a) respectivo (a) autor (a) sejam devidamente citados e mencionados os seus créditos bibliográficos.

A663d Araújo Santos, Eloisa Estefanny.
DETECÇÃO DE BACTÉRIAS MULTIRRESISTENTES EM
FÊMEAS SELVAGENS DE TARTARUGA-DE-PENTE
(*Eretmochelys imbricata*) NO LITORAL DO RIO GRANDE
DO NORTE / Eloisa Estefanny Araújo Santos. – 2026.
80 f. : il.

Orientador: Carlos Eduardo Bezerra de Moura.
Coorientador: Caio Augusto Martins Aires.
Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal
Rural do Semi-árido, Programa de Pós-graduação em
Ciência Animal, 2026.

1. Tartaruga. 2. Resistência. 3. Antibióticos.
4. Ovos. 5. Cloaca. I. Bezerra de Moura, Carlos
Eduardo, orient. II. Martins Aires, Caio Augusto,
co-orient. III. Título.

Ficha catalográfica elaborada por sistema gerador automático em conformidade
com AACR2 e os dados fornecidos pelo(a) autor(a).
Biblioteca Campus Mossoró / Setor de Informação e Referência
Bibliotecária: Keina Cristina Santos Sousa e Silva
CRB: 15/120

O serviço de Geração Automática de Ficha Catalográfica para Trabalhos de Conclusão de Curso (TCC's) foi desenvolvido pelo Instituto de Ciências Matemáticas e de Computação da Universidade de São Paulo (USP) e gentilmente cedido para o Sistema de Bibliotecas da Universidade Federal Rural do Semi-Árido (SISBI-UFERSA), sendo customizado pela Superintendência de Tecnologia da Informação e Comunicação (SUTIC) sob orientação dos bibliotecários da instituição para ser adaptado às necessidades dos alunos dos Cursos de Graduação e Programas de Pós-Graduação da Universidade.

**DETECÇÃO DE BACTÉRIAS MULTIRRESISTENTES EM FÊMEAS
SELVAGENS DE TARTARUGA-DE-PENTE (*Eretmochelys imbricata*) NO
LITORAL DO RIO GRANDE DO NORTE**

Dissertação apresentada ao Mestrado em
Ciência Animal do Programa de Pós-Graduação
em Ciência Animal da Universidade Federal
Rural do Semi-Árido como requisito para
obtenção do título de Mestre em Ciência Animal.

Linha de Pesquisa: Morfofisiologia e
Biotecnologia Animal

Defendida: 24/ 02/ 2026

BANCA EXAMINADORA

Prof. Dr. Carlos Eduardo Bezerra de Moura (UFERSA)
Presidente

Prof. Dr. Caio Augusto Martins Aires
Membro examinador (UFERSA)

Dr. Caio Sergio Santos (UFERSA)
Membro examinador

Profa. Dra. Marcela dos Santos Magalhães (UFMA)
Membro examinador

Dr. João Marcelo Azevedo de Paula Antunes (UFERSA)

Membro examinador

*Dedico esse trabalho a todos aqueles que estiveram ao meu lado durante todo esse tempo e ao meu amado cachorro **Aquiles** e meu gato **Kim Tan** que partiram durante esse período.*

AGRADECIMENTOS

Primeiramente agradeço a **Deus e a Nossa Senhora** por ter me proporcionado essa oportunidade de continuar aprofundando nos meus estudos, ter me dado saúde física e mental para não desistir nos momentos mais difíceis dessa trajetória, foram dois anos de muitos aprendizados, de resiliência e sem dúvidas paciência para conseguir chegar até aqui.

Agradeço também a minha família, meu pai **Adonias Artemizio Dos Santos** e **Ana Cristina Batista de Araújo Santos** por acreditarem no meu potencial como profissional e estudante e terem me dando suporte durante nesse período todo, assim como também minha irmã **Camila Gabrielle Araujo dos Santos**.

Agradeço ao meu parceiro de vida, **Emanuel Calixto Santana Loreno**, por estar ao meu lado em todos os dias, oferecendo apoio emocional e físico, ajudando-me sempre dentro do que esteve ao seu alcance. Sou grata por me ajudar a enxergar a realidade e buscar o melhor, mesmo nas situações mais difíceis. Obrigada por tudo o que sempre fez e continua fazendo, meu **01**. Obrigada também a sua família pelo apoio durante esses dois anos.

Aos meus amigos de laboratório, que se tornaram amigos para a vida e que levarei comigo para sempre. Sem o apoio deles, nada disso teria sido possível. Sou profundamente grata pelo suporte emocional e pela colaboração nas análises laboratoriais, em especial a **Gabriela Vieira Bernardo, Beatriz da Silva Carneiro, Laura Rachel Frota Nogueira, Lara Michelly Soares de Souza, Arthur Mousinho de Andrade Veríssimo e Genilma Pereira Fernandes**. Meu agradecimento especial a **Francisco Sérvulo de Oliveira Carvalho e Ana Larissa Pereira de Moura**, com quem compartilhei incontáveis horas de estudo, escrita e apoio mútuo, inclusive durante finais de semana e feriados. Meu eterno agradecimento a todos.

Aos meus orientadores, serei eternamente grata por todo o apoio e incentivo ao longo desta trajetória. Agradeço por não me deixarem desistir, pela orientação constante sempre que possível e por serem exemplos de profissionais e de seres humanos nos quais me inspiro diariamente. Meu sincero agradecimento ao **Dr. Carlos Eduardo Bezerra de Moura** e ao **Dr. Caio Augusto Martins Aires**.

Às minhas amigas “**tartarugueiras**”, que conheci durante o período das coletas, quando nossos caminhos se cruzaram para que fôssemos apoio umas das outras. Mesmo diante de todas as adversidades, permanecemos unidas e conseguimos dar o nosso melhor. Meu sincero agradecimento a **Ana Beatriz Pereira Baffini, Heloise Rolim da Silva, Morgana Bassi Ferreira, Franciely Maria de Faria e Vitória**, por todo o companheirismo e apoio ao longo dessa jornada.

Aos meus amigos da vida, por torcerem por mim, acreditarem em meu potencial e me ouvirem em todos os momentos, inclusive nas minhas murmurações, sempre que puderam. Meu sincero agradecimento a **Luanda Pamela Cezar de Oliveira, Wilyne Fernandes da Silva, Lucas Vinicius Matias Silva, Ana Luiza Cordeiro Guimarães, João Mayron Florêncio da Silva, Maiko Roberto Tavares Dantas e Sandy Beatriz Silva de Araújo.**

Agradeço também à minha médica psiquiatra, que me acompanha desde a graduação, acreditando em meu potencial e me auxiliando em todos os processos. Meu sincero agradecimento à **Dr^a Melka Rodrigues Brauna Medeiros.**

Agradeço também a **APC cabo de São Roque** pela oportunidade em desenvolver minha pesquisa e aos ensinamentos repassados sobre as tartarugas marinhas.

Agradeço também a **Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA), a Pró-reitora de Pesquisa e Pós-Graduação (PROPPG), ao Programa em Pós-Graduação em Ciência animal (PPGCA), bem como Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPQ)** pelo auxílio e custeamento da pesquisa durante esses dois anos.

Agradeço também aos colegas da **Universidade Federal do Rio Grande do Norte (UFRN) Kássia Jéssica Galdino da Silva, Dr. Rafael Wesley Bastos, Dr^a Maria Celeste Nunes de Melo,** pelo apoio nas análises.

E por fim a minha querida banca por aceitar em me orientar nesse momento crucial da minha trajetória ao **Dr. Caio Sergio Santos, Prof.^a Dra. Marcela dos Santos Magalhães e ao Dr. João Marcelo Azevedo de Paula Antunes.**

“Deus não colocaria em seu coração o desejo de um sonho impossível, ou um propósito inalcançável. Ele já sabe onde você vai chegar, ele só precisa te preparar.”

Santa Terezinha do Menino Jesus

Resumo

A Resistência Antimicrobiana (RAM) constitui uma crise global de saúde pública uma vez que microrganismos (bactérias, vírus, fungos e parasitas) deixam de responder aos antimicrobianos, tornando infecções comuns difíceis ou impossíveis de tratar. Este fenômeno afeta de forma interdependente os seres humanos, animais e o meio ambiente. Efluentes oriundos de esgotos hospitalares, residenciais e da agropecuária, carreando microrganismos resistentes aos antimicrobianos são lançados em grandes bacias hidrográficas, impactando diretamente mares e oceanos e os organismos que neles habitam. Os quelônios, por passarem a maior parte do ciclo de vida no ambiente marinho e utilizarem áreas costeiras apenas para reprodução e nidificação, são considerados importantes bioindicadores de poluição. A tartaruga-de-pente (*Eretmochelys imbricata*), apresenta desova no litoral do Nordeste brasileiro, além disso trata-se de espécie ameaçada de extinção, e possui maturidade sexual tardia (25–30 anos), o que a torna um modelo relevante para estudos sobre RAM. Este estudo teve como objetivo identificar bactérias Gram-negativas associadas *E. imbricata*, bem como caracterizar seus perfis de resistência a antimicrobianos e a presença de genes relacionados à resistência antimicrobiana. Foram coletados *swabs* da cloaca e da superfície dos ovos de 15 fêmeas na praia de Maxaranguape (RN), entre janeiro e fevereiro de 2025. As amostras foram enriquecidas em caldo *Brain Heart Infusion* e submetidas à seleção com meropenem e ceftriaxona, com posterior identificação por MALDI-TOF MS. A suscetibilidade antimicrobiana foi avaliada por método de disco-fusão ou por determinação da concentração inibitória mínima no sistema VITEK® 2. A detecção de genes de resistência foi realizada por PCR. Foram identificados 39 isolados bacterianos pertencentes a oito gêneros: *Pseudomonas* spp., *Enterobacter* sp., *Acinetobacter* spp., *Ochrobactrum* sp., *Shewanella* sp., *Klebsiella* spp., *Achromobacter* sp. e *Stenotrophomonas* sp., com detecção dos genes *bla_{CTX-M}*, *bla_{TEM}*, *qnrS* e *qnrA*. Os resultados demonstram que fêmeas de *E. imbricata* podem servir como animais bioindicadores da presença de bactérias Gram-negativas resistentes a múltiplas classes de antibióticos, bem como de genes de resistência relacionados a mecanismos enzimáticos relevantes para antimicrobianos de uso clínico, desta forma sugerindo que as ações antrópicas podem afetar diretamente os ecossistemas costeiros.

Palavras-chave: tartaruga marinha; bioindicadores; resistência; antibióticos.

Abstract

Antimicrobial resistance (AMR) constitutes a global public health crisis because microorganisms (bacteria, viruses, fungi, and parasites) cease to respond to antimicrobials, making common infections difficult or impossible to treat. This phenomenon affects humans, animals, and the environment in an interdependent way. Effluents from hospital, residential, and agricultural sewage, carrying antimicrobial-resistant microorganisms, are discharged into large river basins, directly impacting seas and oceans and the organisms that inhabit them. Turtles, because they spend most of their life cycle in the marine environment and use coastal areas only for reproduction and nesting, are considered important bioindicators of pollution. The hawksbill turtle (*Eretmochelys imbricata*) lays its eggs on the coast of Northeast Brazil. Furthermore, it is an endangered species with late sexual maturity (25–30 years), making it a relevant model for studies on antimicrobial resistance (AMR). This study aimed to identify Gram-negative bacteria associated with *E. imbricata*, as well as to characterize their antimicrobial resistance profiles and the presence of genes related to antimicrobial resistance. Cloacal and egg surface swabs were collected from 15 females on Maxaranguape beach (RN), between January and February 2025. Samples were enriched in Brain Heart Infusion broth and subjected to selection with meropenem and ceftriaxone, followed by identification by MALDI-TOF MS. Antimicrobial susceptibility was assessed by disk-fusion method or by determining the minimum inhibitory concentration in the VITEK® 2 system. Detection of resistance genes was performed by PCR. Thirty-nine bacterial isolates belonging to eight genera were identified: *Pseudomonas* spp., *Enterobacter* sp., *Acinetobacter* spp., *Ochrobactrum* sp., *Shewanella* sp., *Klebsiella* spp., *Achromobacter* sp., and *Stenotrophomonas* sp., with detection of the *bla*_{CTX-M}, *bla*_{TEM}, *qnrS*, and *qnrA* genes. The results demonstrate that female *E. imbricata* can serve as bioindicator animals for the presence of Gram-negative bacteria resistant to multiple classes of antibiotics, as well as resistance genes related to enzymatic mechanisms relevant to clinically used antimicrobials, thus suggesting that anthropogenic actions can directly affect coastal ecosystems.

Keywords: sea turtle; bioindicators; antibiotic; resistance.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Alvos de ação dos antibióticos.....	31
Figura 2. Diferenças estruturais químicas das classes dos beta-lactâmicos.....	32
Figura 3. Classificação das beta-lactamases segundo Ambler.....	37
Figura 4. Identificação das espécies a partir das características externas da cabeça e da carapaça.....	41
Figura 5. Imagens de estágios da vida da Tartaruga-de-pente	43
CAPÍTULO 1 - Identificação de genes que codificam mecanismos de resistência enzimática em bactérias presentes na cloaca e na superfície da casca dos ovos de tartarugas-de-pente fêmeas (<i>Eretmochelys imbricata</i>) ao longo da costa do Rio Grande do Norte, Brasil.	
Figura 1. Localização da área de nidificação da tartaruga-de-pente ao longo da costa norte do estado.....	63
Figura 2. Pesquisador realizando coleta da amostra.....	64
Figura 3. Porcentagem de resistência e suscetibilidade antimicrobiana total.....	70
Figura 4. Tabela sobre o índice de MAR das 39 amostras.....	71
Figura 5. Heatmap com as informações das fêmeas.....	72
Figura 6. Heatmap com as informações dos isolados.....	73

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Primers e condições para cada gene pesquisado na PCR.....	67
--	----

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

ANVISA - Agência Nacional de Vigilância Sanitária

APC - Associação de Proteção e Conservação Ambiental do Cabo de São Roque.

BHI - *Brain Heart Infusion*

*bla*_{KPC} – *beta-lactamase gene; Klebsiella pneumoniae carbapenemase*

*bla*_{NDM} – *beta-lactamase gene; New Delhi metallo-β-lactamase*

*bla*_{SHV} – *beta-lactamase gene; Sulfhydryl Variable*

*bla*_{CTX-M} - *beta-lactamase gene; CTX = cefotaxime; M = Munich*

*bla*_{OXA-48} - *beta-lactamase gene; OXA = oxacilinase*

*bla*_{TEM} - *beta-lactamase gene; TEM = Temoniera*

BrCAST – *Brazilian Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing*

CRO – ceftriaxona

DHF - ácido diidrofólico

DNA – *Deoxyribonucleic Acid* (ácido desoxirribonucleico)

EDTA - Ácido etilenodiaminotetracético

ESBL - Enzimas Beta-lactamases de espectro estendido

HGT - Transferência Gênica Horizontal

IMP – Imipenemase

IUCN - União Internacional para a Conservação da Natureza

LIA - Lysine Iron Agar

MALDI-TOF – *Matrix-Assisted Laser Desorption/Ionization Time-of-Flight*

MBLs - Metallo-Beta-Lactamases

MER – Meropenem

PABA - ácido para-aminobenzoico

PBSs - Proteínas ligadoras de penicilina

PCR – *Polymerase Chain Reaction* (reação em cadeia da polimerase)

PE - Pernambuco

qnrA – *quinolone resistance gene A*

qnrB – *quinolone resistance gene B*

qnrC – *quinolone resistance gene C*

qnrD – *quinolone resistance gene D*

qnrS – *quinolone resistance gene S*

RAM - Resistência Antimicrobiana

RN - Rio Grande do Norte

SIM - Sulfide, Indole, and Motility

SPM – *São Paulo metallo- β -lactamase*

sul1 - sulfamethoxazole resistance gene 1

TBE buffer – *Tris-Borate-EDTA buffer*

THF - ácido tetraidrofólico.

TSI - Triple Sugar Iron

UERN - Universidade Estadual do Rio Grande do Norte

UFERSA - Universidade Federal Rural do Semi-Árido

UFRN - Universidade Federal do Rio Grande do Norte

UV – *Ultraviolet* (ultravioleta)

VIM – *Verona Integron-encoded Metallo- β -lactamase*

VITEK® 2 – Sistema automatizado de identificação microbiana e teste de suscetibilidade antimicrobiana

LISTA DE SIMBOLOS

% – porcentagem

< – menor que

µg – micrograma

µL – microlitro

bp – *base pairs* (pares de bases)

cm – centímetro

kg – quilograma

km – quilômetro

m – metro

mA – miliampère

min – minuto

mL – mililitro

°C – graus Celsius

rpm – rotações por minuto

seg – segundo

V – volt

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	28
2 REFERENCIAL TEÓRICO.....	30
2.1 Os Antibióticos	30
2.2 Beta-lactâmicos.....	31
2.3 Aminoglicosídeos	32
2.4 Quinolonas	33
2.5 A resistência antimicrobiana (RAM).....	33
2.6 Enzimas Beta-lactamases.....	34
2.7 Enzimas Beta-lactamases de espectro estendido (ESBL)	35
2.8 Carbapenemases	36
2.9 Mecanismos de resistência as Quinolonas mediada por plasmídeos	37
2.10 Mecanismo de resistência aos Aminoglicosídeos mediados por plasmídeos.....	37
2.11 O impacto da RAM no ambiente marinho	38
2.12 A presença de isolados bacterianos resistentes em tartarugas marinhas.....	38
2.13 Cheloniidae - Tartarugas marinhas.....	39
2.14 Anatomia Geral	40
2.15 Reprodução das Tartarugas Marinhas	41
2.16 Tartaruga-de-pente (<i>Eretmochelys imbricata</i>)	42
3 JUSTIFICATIVA	44
4 OBJETIVOS.....	45
4.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS	45
5 REFERÊNCIAS.....	46
INTRODUÇÃO	61
MATERIAIS E MÉTODOS	62
RESULTADOS.....	69
DISCUSSÃO	74
CONCLUSÃO	77
REFERÊNCIAS	78
6) APENDICE 1.....	89
7) APENDICE 2.....	90

1 INTRODUÇÃO

A utilização há tempos dos antimicrobianos resultou na aceleração do desenvolvimento do processo de resistência a esses medicamentos pelos microrganismos, apesar de terem auxiliado no tratamento e controle das infecções. Caracteriza-se a resistência antimicrobiana (RAM) como o modo pelo qual as bactérias, fungos e vírus adquirem meios de conter a ação desses componentes destruindo ou incapacitando a sua ação (LATORRE-BARRAGAN *et al.*, 2019; DIOGO *et al.*, 2023).

O uso desses medicamentos dentro da medicina veterinária representa cerca de 73% no mundo todo, sendo utilizados no controle das infecções, bem como na prevenção e promotores de crescimento, sendo assim um fator crucial no desenvolvimento da RAM. Dentro desse contexto a falta de fiscalização adequada, a utilização inadequada e falta de informação da população, o abuso dentro da agropecuária, a poluição do meio ambiente pelos resíduos favorecem o desenvolvimento de bactérias Gram-negativas com perfil de multirresistência (ALMEIDA *et al.*, 2023; MATHEOU *et al.*, 2025).

Consequentemente observa-se que a utilização inadequada desses antimicrobianos gera através dos resíduos a contaminação da RAM aos principais nichos, como solos, corpos de água, alimentos esgotos etc. Logo uma grande questão em torno dessa problemática trata-se da contaminação da vida selvagem e os riscos que envolvem os ecossistemas e consequentemente a saúde humana e animal, na qual ação antrópica influencia diretamente a vida selvagem, expondo os animais à poluição e favorecendo o surgimento de microrganismos resistentes (LABORDA *et al.*, 2022; ALMEIDA *et al.*, 2023).

A região costeira em todo mundo é a principal afetada pelo escoamento dos esgotos pois recebe diretamente resíduos oriundos dos esgotos domésticos, hospitalares, estabelecimentos comerciais, indústrias vindo através de emissores submarinos, carreando lixo plásticos, microplásticos, sólidos totais, metais e também bactérias patogênicas, que podem causar diversas infecções aos seres humanos e aos animais, uma vez que contaminam a água, sedimentos e animais, como por exemplo os quelônios, peixes, moluscos e crustáceos (ABESSA *et al.*, 2012; ALMEIDA *et al.*, 2021)

Os quelônios são considerados um dos animais mais antigos que vivem na terra e de acordo com o hábito de vida ficam no ambiente aquático a maior parte do tempo. A subida às praias ocorrem apenas para as fêmeas no momento da oviposição que acontece quando estas atingem a maturidade sexual (entre 10 e 50 anos dependendo da espécie), desta maneira sendo considerados indicadores de poluição, além disso são animais migratórios, podendo fornecer

dados importantes sobre os locais ao qual passam durante a vida (AZEVEDO, 1983; CUBAS; SILVA; CATÃO-DIAS, 2014)

Estudos mostram que tartarugas marinhas de vida livre, como *Caretta caretta*, *Lepidochelys olivacea* e *Chelonia mydas*, podem abrigar bactérias resistentes a antibióticos, indicando a necessidade de investigar os mecanismos envolvidos. Durante o período reprodutivo, a proximidade com áreas costeiras impactadas por ações antrópicas pode favorecer a aquisição de resistência. Isolados bacterianos resistentes aos antibióticos já foram encontrados em diferentes partes do corpo desses animais, como trato gastrointestinal, olhos, carcaça e pescoço, incluindo bactérias do gênero *Pseudomonas* spp. e da ordem Enterobacterales, muitas delas portadoras de genes de resistência, como *bla_{OXA-48}*, *bla_{CTX-M}*, *bla_{TEM}* e *sulI*, associados à resistência a importantes classes de antibióticos (CHUEN-IM, *et al.*, 2021; DRAN, *et al.*, 2021; SHORT, *et al.*, 2023; FERRARO, *et al.*, 2024).

Neste sentido, a espécie *Eretmochelys imbricata* (Linnaeus, 1766) pode servir como bioindicadora de poluição ambiental uma vez que possui maturidade sexual tardia entre 25 e 35 anos, além disso possui uma vasta distribuição, sendo encontrada em águas tropicais e subtropicais do Atlântico, Índico e Pacífico e seus sítios reprodutivos estão localizados no Brasil e países do Caribe. No Brasil podem ser encontradas na costa dos estados de Espírito Santo até o Ceará, locais de reprodução e desova (MARCOVALDI, *et al.*, 2011).

Desta maneira a investigação da resistência aos antibióticos nesses animais torna-se de extrema relevância uma vez que suas características fisiológicas e comportamentais podem favorecer a vida desses microrganismos e assim entender toda uma cadeia de origem, meio e fim.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

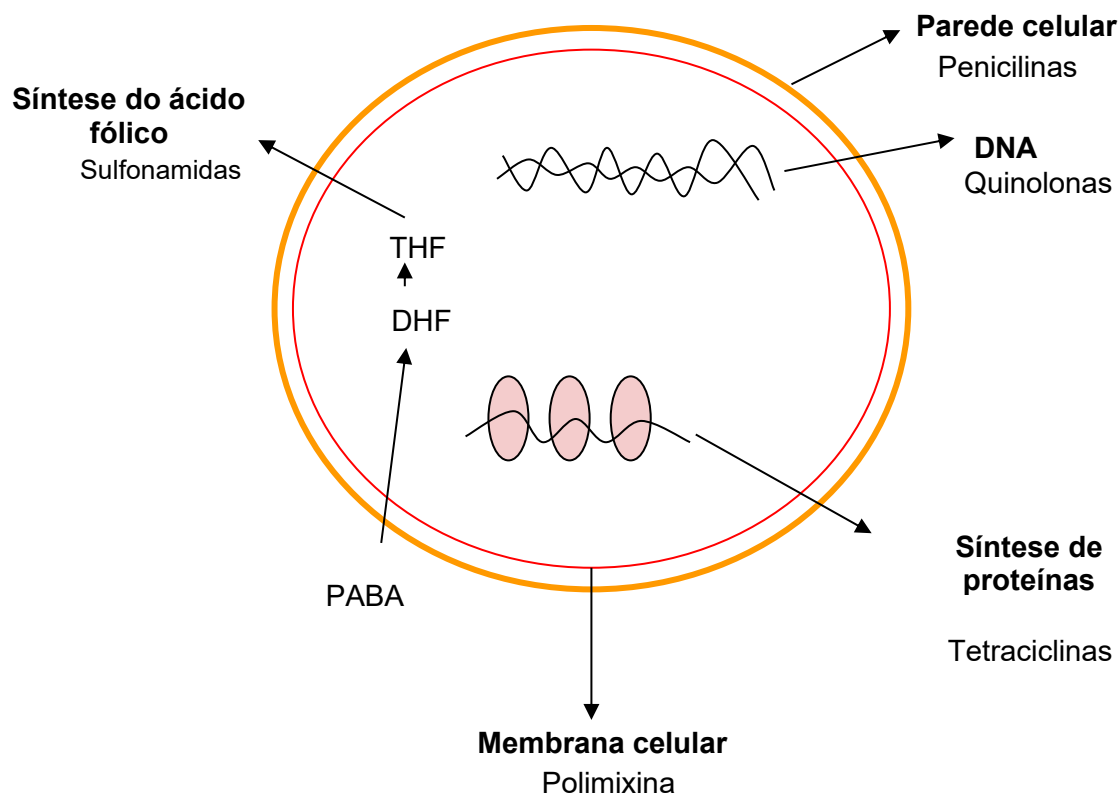
2.1 Os Antibióticos

Os antimicrobianos são classificados como aqueles medicamentos que possuem origem natural ou sintética, logo dentro destes grupos tem-se os antibióticos fármacos essenciais no tratamento de boa parte das doenças infecciosas que afetam os seres vivos, combatendo bactérias através dos seus variados mecanismos de ação, que são classificados desde seu espectro de ação, a sua estrutura química e quanto ao seu efeito sobre os microrganismos. São medicamentos que obtiveram utilização inicial na década de 40, logo favorecendo a expectativa de vida (SPAGNOLO *et al.*, 2021).

Dentre as classificações, o efeito sobre os microrganismos pode ser dividido em dois, sendo eles bacteriostáticos ou bactericidas. Os bacteriostáticos são aqueles que diminuem a atividade metabólica das bactérias, enquanto os bactericidas são as que matam diretamente. Os bactericidas são compostos pelos grupos dos Beta-lactâmicos, glicopeptídeos, polimixinas, rifampicinas, aminoglicosídeo, metronidazol e quinolonas, enquanto os bacteriostáticos são os macrolídeos, lincosamidas, anfenicóis, linezolida, estreptograminas, tetraciclina e sulfonamidas (HALAWA *et al.*, 2024).

No combate às bactérias algumas estruturas de sua composição podem ser afetadas pelo mecanismo de ação dos antibióticos, como na síntese da parede celular, alteração da permeabilidade da membrana citoplasmática, alterações na síntese proteica, inibição a síntese de ácidos nucleicos e interferência na replicação cromossômica (HADDAD *et al.*, 2024).

Figura 1. Alvos de ação dos antibióticos.



Fonte: Adaptado de SANTANA, *et al.*, 2011.

Legenda: PABA = ácido para-aminobenzoico; DHF = ácido diidrofólico; THF = ácido tetraidrofólico. DNA = Deoxyribonucleic Acid (ácido desoxirribonucleico).

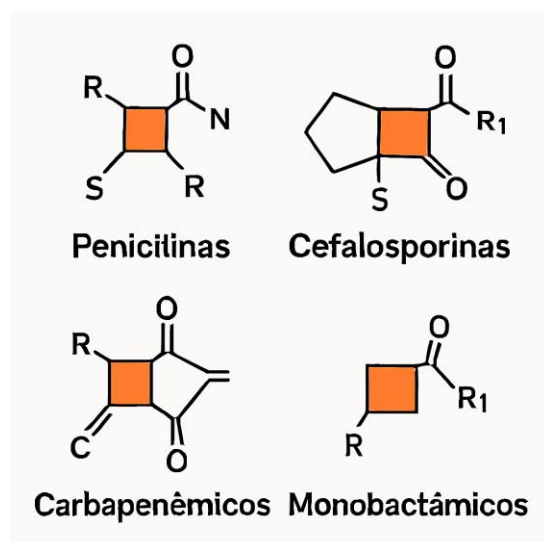
2.2 Beta-lactâmicos

Os antibióticos da classe dos beta-lactâmicos são classificados como aqueles que apresentam em sua estrutura química um anel beta-lactâmico (Figura 2), sendo este responsável pela inibição da síntese da parede celular bacteriana. Este anel é composto por três átomos de carbono e um de nitrogênio, porém para que possua ação este deve-se estar ligado a um radical (MOTA, *et al.*, 2010; DE ARRUDA, *et al.*, 2019).

Dentro desse grupo encontram-se as seguintes classes: Penicilinas, Cefalosporinas, Carbapenêmicos e Monobactâmicos, sendo que para cada classe ocorre alteração da sua estrutura química e no seu modo de atuação sobre a bactéria. Neste sentido, o anel das penicilinas funde-se ao anel da tiazolidina; a cefalosporinas ao dihidrotiazina; aos carbapenêmicos ao pirrólico. Para os monobactâmicos a característica é ser monocíclico e não possui outro anel, apenas um grupo de 2-oxoazetidina-1-sufônico (RIVERA *et al.*, 2014; OELSCHLAEGGER *et al.*, 2021; DIOGO, *et al.*, 2023).

Esses antibióticos atuam de maneira parecida com as enzimas que estão envolvidas na síntese da parede celular, ou seja, das proteínas ligadoras de penicilina (PBSs). Devido a integridade da parede celular ser primordial para manter a forma celular, ou seja, um ambiente hipertônico e hostil, e como sabe-se a parede é composta por unidades alternadas de ácido N-acetilmurâmico (NAM) e N-acetilglicosamina (NAG), sendo ligadas por transglicosidade. Desta forma um pentapeptídeo está ligado a cada unidade NAM, as PBPs agem como transpeptidases para catalisar ligações cruzadas entre dois pentapeptídeos NAM d-alanina-d-alanina (confere rigidez). Sendo o anel beta-lactâmico semelhante quimicamente a d-alanina-d-alanina dos pentapeptídeos, tem-se que as PBPs na síntese da parede celular acabam inserindo o beta-lactâmico ao invés do composto e esse descuido gera acilação da PBP, o que torna falha as reações de transpeptidação. Desta forma ao passo que a síntese diminui, ocorre inibição da transpeptidação mediada pelos beta-lactâmicos assim a morte celular (BONOMO, 2017).

Figura 2. Diferenças estruturais químicas das classes dos beta-lactâmicos.



Fonte: Desenvolvido pela autora, 2025.

2.3 Aminoglicosídeos

Trata-se da classe de antibióticos identificados pela primeira vez na década de 40 através de estudos com bactérias do filo Actinomycetota. Sua estrutura é composta por açúcares aminados e um anel aminociclitol dibásico, denominado de estreptamina, ligados por ligações glicosídicas (BELTRÃO FILHO *et al.*, 2025).

Atuam interrompendo a ligação do tRNA com o complexo ribossômico e causando a inserção de aminoácidos não codificados no RNA mensageiro, junto a isso ocasiona a parada da síntese, resultando em proteína incompleta, ou seja, são bactericidas e inibem a síntese

proteica ao se ligar a subunidade ribossomal 30s (DILLEY, GENG, 2022; BELTRÃO FILHO *et al.*, 2025).

A susceptibilidade das bactérias a esses antibióticos relaciona-se com fato de afetarem diretamente a permeabilidade das membranas e parede celular. Tendo utilização em infecções ocasionadas por bacilos Gram-negativos, além de algumas Gram-positivas e contra micobactérias (DILLEY, GENG, 2022).

2.4 Quinolonas

A primeira quinolona foi descoberta em 1962 e utilizada em 1967, para o tratamento de infecções urinárias causadas por bactérias Gram-negativas. As quinolonas são sintéticas e possuem um sistema de anel 4-oxo-1,4-dihidroquinolona com um ácido carboxílico ligado na posição 3, sendo suscetíveis a múltiplas modificações. Observou-se que com adição de um átomo de flúor na posição 6 do anel ocorria a melhora da sua potência antibacteriana e ampliava sua atividade. Seus agentes mais antigos são a ciprofloxacino, ofloxacino, enquanto os mais novos foram desenvolvidos após 1990 (MAYER, TAKIFF, 2014).

São antimicrobianos pertencente a classe dos sintéticos e possuem um amplo espectro de ação. Seu mecanismo de ação baseia-se em bactericidas impedindo a síntese de DNA bacteriano ao se vincular a DNA girase, nas bactérias Gram-negativas e Topoisomerase IV em Gram-positivas (SOUSA, CARMARGO, 2024).

2.5 A resistência antimicrobiana (RAM)

A resistência antimicrobiana (RAM) ocorre quando um microrganismo possui a capacidade de adquirir mecanismos de resistência a determinados medicamentos; ela foi descrita concomitantemente com a "era de ouro" dos antibióticos entre as décadas de 30 a 60 (TANG, *et al.*, 2023). A RAM pode acontecer de duas maneiras: natural ou adquirida, em que a resistência natural ou intrínseca é aquela que sempre esteve presente no microrganismo, não estando ligada a transferência horizontal. Quando ela é adquirida é caracterizada como aquela em que um microrganismo anteriormente sensível a determinado antimicrobiano, passa a ser resistente (BELAY, *et al.*, 2024).

A RAM é um evento natural, no entanto seu desenvolvimento pode ser acelerado através do uso inadequado ou excessivo dos medicamentos, uma vez que, é utilizado na medicina humana, na medicina veterinária e no agronegócio, logo possibilitando o surgimento de bactérias multirresistentes a medicamentos (MDR), que são aquelas caracterizadas por possuírem resistência a três ou mais classes antimicrobianas. Sabe-se que dentro da

agroindústria são utilizados na prevenção e controle de doenças, bem como promotores de crescimento, o que pode resultar em mais microrganismos resistentes e em contrapartida drogas menos eficientes (MAGIORAKOS *et al.*, 2012; BARAN, *et al.*, 2023; TANG, *et al.*, 2023).

A disseminação RAM ocorre por meio de diferentes mecanismos de transferência genética horizontal, incluindo transformação, transdução, conjugação e transposição. Nesse contexto, o material genético (cromossômico, plasmidial ou associado a bacteriófagos) presente no ambiente pode ser captado e incorporado ao genoma de outras bactérias. Na transformação, há a captação de DNA livre do meio; na transdução, bacteriófagos atuam como vetores na transferência de DNA bacteriano entre células; na conjugação, ocorre a transferência direta de plasmídeos por contato célula-célula; e, por fim, os transposons, pequenos elementos genéticos móveis, podem deslocar-se entre diferentes moléculas de DNA, contribuindo para a disseminação de genes de resistência (ALMEIDA, *et al.*, 2023).

Neste sentido os mecanismos que reduzem a efetividade dos antibióticos disseminados por essas bactérias são, alteração da permeabilidade de membrana, a alteração do sítio de ação, a alteração da estrutura química dos antibióticos por enzimas e bombas de efluxo (EISENREICH *et al.*, 2022).

Assim, o mecanismo enzimático é considerado um dos principais meios de resistência antimicrobiana. Enzimas da classe das beta-lactamases (enzimas que degradam os beta-lactâmicos) são detectadas desde o início da utilização do seu grupo; atualmente possuem duas classificações, segundo Ambler, 1980 e por Bush-Jacob-Medeiros, 1995 (LOUREIRO, *et al.*, 2016; VRANCIANU, *et al.*, 2020).

2.6 Enzimas Beta-lactamases

A primeira beta-lactamase foi identificada antes mesmo da introdução clínica da penicilina (BONOMO, 2017). Essas enzimas atuam por meio da hidrólise da ligação amida do anel beta-lactâmico, inativando o antibiótico. Os beta-lactâmicos possuem estrutura semelhante ao terminal D-alanina-D-alanina presente nos precursores do peptideoglicano da parede celular bacteriana, o que lhes permite ligar-se às proteínas ligadoras de penicilina (PBPs) e inibir a síntese da parede celular. As beta-lactamases, por sua vez, reconhecem essa estrutura e promovem a abertura do anel beta-lactâmico, impedindo a ação antimicrobiana do fármaco (SAWA, 2020).

Atualmente existem duas classificações para essas enzimas, a classificação estrutural por Ambler, 1980 e por Bush-Jacob-Medeiros, 1995 através da funcionalidade. Ambler agrupa as enzimas em dois grupos sendo em serina-beta-lactamases (Figura 4) que possuem um

resíduo de serina em seu sítio ativo, e metalo-beta-lactamases, que requerem íons metálicos, como o zinco, para sua atividade catalítica; elas também podem ser classificadas em quatro classes (A–D), de acordo com a homologia de sequência da cadeia de aminoácidos. Dentro da classificação de Bush-Jacob-Medeiros, as enzimas estão dentro de 3 grupos, dependendo da degradação dos substratos de beta-lactâmicos e os efeitos dos inibidores (LOUREIRO, *et al.*, 2016; SAWA, 2020; VRANCIANU, *et al.*, 2020).

As serina-beta-lactamases A segundo Ambler, incluem TEM, SHV, CTX-M, KPC beta-lactamases. Sua ação hidrolítica varia de acordo com espectro estreito a amplo, incluindo capacidade de hidrolisar carbapenêmicos. TEM e SHV podem ainda ser inibidas pelos clássicos inibidores como ácido clavulânico, tazobactam e sulbactam. A classe C confere cefalosporinas que são codificadas principalmente por cromossomos, e possuem distribuição nas bactérias Gram-negativas. Dentro dessa classe C pode-se citar as enzimas disseminadas pelos cromossomos bacterianos AmpC de Enterobacterales, enzimas CMY de *Citrobacter freundii*, e por plasmídeos como ACT-1 em *K. pneumoniae* (MOYOS, *et al.*, 2026).

Para resistência da classe D conhecidas como oxacilinasas (OXAs) há preocupação sobre as bactérias Gram-negativas sendo *A. baumannii* e Enterobacterales elas diferem também das classes A e C, por apresentarem maior número de resíduos hidrofóbicos em seus locais ativos; elas podem ser codificadas por cromossomos e plasmídeos, como exemplo a OXA-48 sendo amplamente encontrada em plasmídeos. As metalo-beta-lactamases de classe B apresentam resistência aos carbapenêmicos, nesta classe é relatado a presença de NDM, IMP, e VIM na subfamília B1 da classificação de Bush-Jacob-Medeiros. Podem ser distribuídas por plasmídeos e estão presentes em bactérias do grupo ESCAPE (SAWA, 2020; MOYOS, *et al.*, 2026)

2.7 Enzimas Beta-lactamases de espectro estendido (ESBL)

As ESBLs são serina-beta-lactamases, ou seja, pertencentes a classificação de Ambler, como classe A, possuem característica bioquimicamente de hidrolisar antibióticos beta-lactâmicos de espectro expandido e por serem inibidas por clavulanato, sulbactam e tazobactam. São encontradas na maioria das Enterobacterales e em *P. aeruginosa* dando-lhes resistência a maioria dos antibióticos beta-lactâmicos e também as cefalosporinas de espectro expandido e monobactâmicos, além disso as enzimas originais eram variantes de TEM e SHV (CASTANHEIRA, *et al.*, 2021).

Uma das primeiras classificações a esse grupo foi dada em 1989 por Karen Bush, como enzimas capazes de hidrolisar beta-lactâmicos oximiino como cefotaxima, ceftazidima;

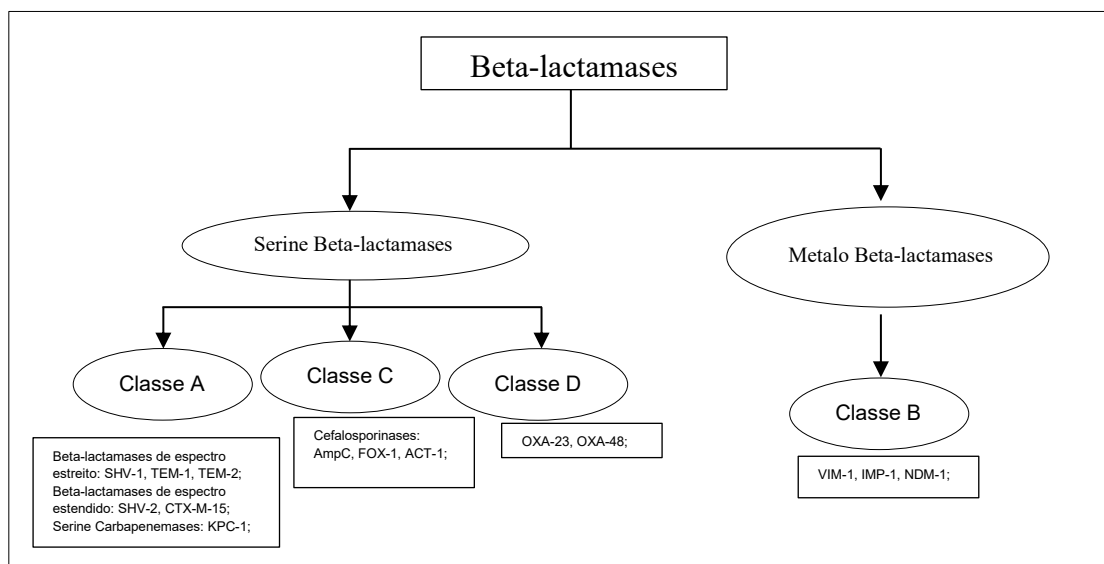
posterior continuou definidas na mesma classe A, capazes de hidrolisar os beta-lactâmicos de espectro estendido e suscetíveis ao clavulanta, sulbactam e tazobactam, além disso originalmente acreditava-se que eram mediadas apenas por plasmídeos, mas atualmente sabe-se que ocorre por plasmídeos e cromossomos. Logo embora possa existir enzimas capazes de hidrolisar beta-lactâmicos oximiino, para ser considerado tipo ESBL, necessita que esta possua a capacidade de inibir o clavulanato. Mutações repetidas contribuíram para o surgimento de novas beta-lactamases que são as carbapenemases (SAWA, 2020; CASTANHEIRA, et al., 2021).

2.8 Carbapenemases

Trata-se da classe de beta-lactamases que possuem ação contra os antibióticos carbapenêmicos além da maioria das outras drogas da classe, ocasionando o processo de resistência mais comum a esses medicamentos. Acredita-se que genes que codificam essas enzimas fazer parte dos elementos móveis genéticos, assim locomovendo-se principalmente entre Enterobacterales (SAWA, 2020; PEIRANO, et al., 2025).

São enzimas que pertencem a classe A da classificação de Ambler, como a KPC, na classe B podem ser a VIM, IMP e NDM, e na classe D as OXAS. Dentro da classe D pode ser dividida em dois grupos, Grupo I - comum entre espécies de *Acinetobacter* sendo enzimas semelhantes a OXA-23; enquanto o grupo II - possui variantes da OXA-48, sendo encontradas principalmente em Enterobacterales (PEIRANO, et al., 2025).

Estas OXA-48 são serina beta-lactames, hidrolisam a oxacilina eficientemente, porém não as cefalosporinas como ceftazidima, cefepime, monobactâmicos como aztreonam e cefotaxima, além disso tem ação fraca contra o imipenem, meropenem e ertapenem. Geralmente as bactérias que produzem essa enzima, produzem também as ESBL, como CTX-M. Por outro lado, essas enzimas não são inibidas pelos inibidores beta-lactâmicos (PEIRANO, et al., 2025).

Figura 3. Classificação das beta-lactamases segundo Ambler.

Fonte: Adaptado de VRANCIANU, *et al.*, 2020.

2.9 Mecanismos de resistência as Quinolonas mediada por plasmídeos

Dentro do processo de resistência às quinolonas ocorre alterações pontuais cromossômicas em locais específicos nos genes que codificam a DNA-girase e a topoisomerase IV. Somado a isso existe também a resistência mediada por plasmídeos (PMQR), sendo a primeira relatada em 1998, em um isolado multirresistente de *Klebsiella pneumoniae*, o gene responsável chamado primeiramente de *qnr*, posteriormente seria identificado como *qnrA*, consequentemente após a descoberta do primeiro vieram subsequentemente, *qnrS*, *qnrB*, *qnrC* e *qnrD* (JACOBY, *et al.*, 2015; SOUSA, CARMARGO, 2024).

Estas proteínas baseiam seu mecanismo de ação nas seguintes circunstâncias, a partir de suas estruturas podem ligar-se aos alvos, girase e topoisomerase IV, desestabilizando o complexo de clivagem enzima, DNA e quinolona, gerando assim a liberação, religação do DNA e regeneração da topoisomerase ativa (JACOBY, *et al.*, 2015).

2.10 Mecanismo de resistência aos Aminoglicosídeos mediados por plasmídeos

A resistência a esta classe pode ocorrer por diversos mecanismos como modificação do alvo por mutação do rRNA 16S, permeabilidade reduzida por modificação da membrana externa ou diminuição do transporte da membrana interna, exportação para fora das células pela bomba de efluxo, sequestro do fármaco por ligação a uma acetiltransferase de atividade baixa. As enzimas associadas ao processo de resistência a esses antibióticos catalizam a modificação nos grupos -OH ou -NH₂. As enzimas AAC(6') são consideradas os mais comuns

e presentes em Gram-negativas e Gram-positivas, sendo encontrados em plasmídeos e em cromossomos (RAMIREZ, TOLMASKY, 2011).

2.11 O impacto da RAM no ambiente marinho

A utilização dos antibióticos além de gerar como consequência a RAM a saúde dos homens e animais, também pode afetar diretamente o meio ambiente, uma vez que seu emprego dentro da produção animal, da agricultura, no ambiente hospitalar, bem como indústrias e domicílios tem como resultado a geração de dejetos como fim a afluentes que desembocam em grandes cursos de água, como os mares e oceanos, ou seja, a ação antrópica influência veemente nas condições ambientais marinhas e consequentemente na presença de organismos resistentes (CASTRO, *et al.*, 2021; LIU, *et al.*, 2024).

Logo, a água representa não apenas um meio de dispersão de organismos, mas também uma via pela qual os genes de resistência são introduzidos no ambiente aquático, de forma direta ou indireta, através dos produtos oriundos de materiais pesado, da presença de microplásticos, dos resíduos dos pesticidas e dos antimicrobianos. Desta maneira conhecer as rotas de transmissão da resistência presentes no ambiente selvagem pode mensurar o nível de poluição ao qual foi exposto (DIAS, AMANDA SIMÃO, 2024).

Portanto, identificar a presença de bactérias e de seus genes de resistência encontrados no ambiente e nos animais silvestres que não possuem contato direto com os seres humanos, pode demonstrar o potencial o risco dos mecanismos de resistência. Além disso animais silvestres podem carrear essas informações de uma região para outra, servindo de indicadores de contaminação e contaminados outros locais e outros animais (LABORDA, *et al.*, 2022).

2.12 A presença de isolados bacterianos resistentes em tartarugas marinhas

Genes de resistência aos antibióticos já foram encontrados em diversos ambientes marinhos como, oceanos abertos, estuários, bem como águas costeiras, desenvolvendo a função de abrigo para determinadas espécies bacterianas e animais. Além disso, esses ecossistemas, abrigam inúmeras populações da fauna e flora, cerca de 90% de toda vida do planeta. As tartarugas marinhas correspondem a um grupo de animais que podem servir como indicadores de poluição dos cursos de água, uma vez que passam boa parte de sua vida no ambiente aquático, variando de regiões e indo em direção a costa apenas em época de reprodução e desova (DRANE, *et al.*, 2021; SHORT, *et al.*, 2023).

Alguns estudos demonstram que em algumas espécies de tartarugas marinhas de vida livre como tartarugas-cabeçudas (*Caretta caretta*), tartarugas-oliva (*Lepidochelys olivacea*) e

tartarugas-verdes (*Chelonia mydas*), já foram identificadas a presença de bactérias resistentes, o que sugere investigar quais espécies bacterianas e quais mecanismos estão sendo albergados por esses animais (CHUEN-IM, *et al.*, 2021).

Nos períodos de reprodução a ação antrópica possui influência direta, uma vez que ficam próximas à costa e consequentemente aos locais de despejo de águas residuais e aos lixos nas praias. Tão logo o mecanismo de resistência adquirida pode estar envolvido nesse cenário, assim a presença da transferência gênica horizontal (HGT) pode ser um indicativo do desenvolvimento da RAM nessas bactérias dentro desse ambiente (DRAN, *et al.*, 2021).

Estudos demonstram que a carcaça, os olhos, o pescoço, o trato gastrointestinal foram alguns locais anatômicos em que foram identificados isolados resistentes aos antibióticos, ademais espécies bacterianas encontradas como *Pseudomonas* spp., e pertencentes a ordem Enterobacterales, apresentando resistência às principais classes de antibióticos, codificantes para genes de resistência como beta-lactamases (*bla_{OXA-48}*, *bla_{CTX-M}* e *bla_{TEM}*) e sulfonamidas (*sul1*) (SHORT, *et al.*, 2023; FERRARO, *et al.*, 2024).

2.13 Cheloniidae - Tartarugas marinhas

As tartarugas marinhas, pertencentes à ordem *Testudines*, são consideradas os répteis mais antigos do planeta. Atualmente, existem apenas sete espécies no mundo. A família Dermochelyidae é representada unicamente pela tartaruga-de-couro (*Dermochelys coriacea*), enquanto as demais integram a família Cheloniidae, composta pela tartaruga-cabeçuda (*Caretta caretta*), tartaruga-verde (*Chelonia mydas*), tartaruga-de-pente (*Eretmochelys imbricata*), tartaruga-oliva (*Lepidochelys olivacea*), tartaruga-de-kempi (*Lepidochelys kempii*) e tartaruga-de-casco-achatado (*Natator depressus*). Dessas sete espécies, cinco utilizam o litoral brasileiro como área de reprodução: *C. mydas*, *C. caretta*, *E. imbricata*, *L. olivacea* e *D. coriacea* (MARCOVALDI, 1999; CUBAS; SILVA; CATÃO-DIAS, 2014; FERREIRA *et al.*, 2022).

São animais migratórios, possuindo um comportamento de vida intrigante, uma vez que se locomovem por várias regiões e possuem vários habitats, vivendo em sua maioria nas faixas tropicais e subtropicais. Possuem uma longevidade grande, representando assim animais que possuem papel importante no ecossistema a qual fazem parte. Por possuírem estilo de vida no mar e na terra estão sempre sendo afetados pelas ações antrópicas (BASÍLIO, THIAGO HOLANDA, 2020).

2.14 Anatomia Geral

São considerados os maiores quelônios, diferenciando de outros répteis por apresentarem casco rígido, que os protege contra predadores. O casco trata-se da junção de ossos da coluna vertebral, costelas e cintura pélvica, sua porção dorsal é chamada de *carapaça* enquanto a ventral de *plastrão*. A carapaça é composta pelos ossos cobertos por um escudo de queratina em quatro das espécies, ou de gordura e pele no caso da tartaruga-de-couro. O plastrão possui escudos simétricos sendo denominado conforme a região (CUBAS; SILVA; CATÃO-DIAS, 2014).

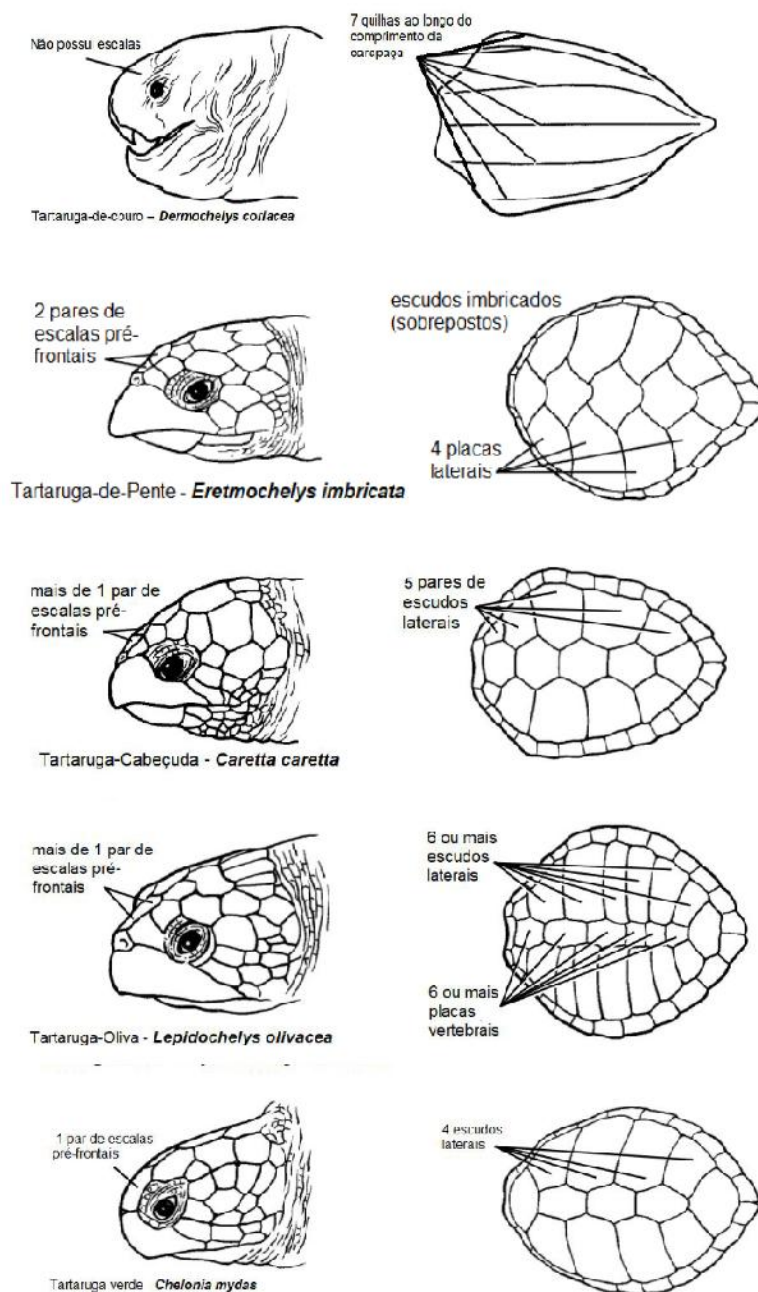
Seus pulmões estão localizados dorsalmente e são aderidos a carapaça e à coluna vertebral; o pulmão esquerdo está ligado ao estômago através do ligamento gastropulmonar, enquanto o direito está conectado ao lóbulo direito do fígado pelo ligamento hepatopulmonar. Elas apresentam respiração do tipo pulmonar, na qual precisam subir à superfície para respirar (CUBAS; SILVA; CATÃO-DIAS, 2014; OLIVEIRA, 2022).

Podem chegar a medir entre 55 cm e 2,1m na fase adulta e pesar cerca de 900 kg. Possuem alongamento dos ossos metacarpais, metatarsais e falanges; dessa maneira seus membros locomotores evoluíram para nadadeiras com pequenas garras, em que a nadadeiras dianteiras são longas e utilizadas para propulsão, enquanto as traseiras direcionadas para o nado e para cavar no momento da postura (BAPTISTOTTE, 2014; CUBAS; SILVA; CATÃO-DIAS, 2014)

A identificação desses animais é feita através de características externas, como números de placas da cabeça, o formato das mandíbulas, o número de unhas nas nadadeiras e número e arranjo dos escudos na carapaça. Além disso, para identificação precisa-se considerar que estes não possuem dimorfismo sexual, exceto quando adultos, em que os machos apresentam a cauda mais longa e uma grande curva direcionada nas nadadeiras anteriores, o que facilita no momento da cópula (CUBAS; SILVA; CATÃO-DIAS, 2014). A figura 5 mostra algumas espécies e suas diferenças anatômicas externas.

O aparelho reprodutor dos machos é bem desenvolvido e consiste em glândula e de dois corpos cavernosos que formam uma calha central ventral por onde passa o sêmen; as fêmeas, por sua vez, possuem ovários pareados e simétricos, cranial aos rins. O oviduto pode ser dividido em três regiões sendo elas, infundíbulo, magno e istmo, regiões que são capazes de concentrar o esperma podendo gerar mais de uma ninhada (SILVA, 2007).

Figura 4. Identificação das espécies a partir das características externas da cabeça e da carapaça.



Fonte: FERREIRA, *et al.*, 2022.

2.15 Reprodução das Tartarugas Marinhas

Dentro do processo de reprodução desses animais algumas características são importantes como a migração para locais de alimentação e acasalamento para onde as fêmeas vão para desovar. Estas fêmeas possuem um comportamento chamado de **Site-Fidelity** (Fidelidade ao local) no qual na maior parte das vezes realizam a desova na mesma área em uma mesma temporada, podendo variar de acordo com a espécie (DE PAÚDA ALMECIDA, ANTONIO).

Junto a esse comportamento outro também foi conhecido como o *Natal Homing* no qual essas fêmeas retornam para a postura dos ovos na praia na qual nasceram. Dentro do processo de nidificação elas podem desovar em médias entre duas e seis vezes dependendo da espécie, além disso o número de ovos também varia e geralmente não costumam desovar todos os anos (DE PAÚDA ALMECIDA, ANTONIO).

O momento da postura desses animais envolve uma série de peculiaridades como, o nível da água do mar, a ação das marés, a incidência de luminosidade, a presença humana e de outros animais, a escolha do terreno, além disso quando iniciam a deposição dos ovos nos ninhos, raramente interrompem o processo. A escolha do local influencia também no sexo da ninhada pois dependendo da temperatura de incubação dos ovos é possível mensurar a ocorrência de machos e fêmeas, poia com altas temperaturas tem-se mais a propensão de fêmeas e com baixas a de machos (MARCOVALDI, *et al.*, 1997; DE PAÚDA ALMECIDA, ANTONIO).

O momento da postura dos ovos apesar de ser de alta exigência fisiológica para as fêmeas torna-se propício aos pesquisadores a coleta de dados importantes, uma vez que neste momento ocorre a ativação do sistema nervoso parassimpático, responsável pelos sinais de relaxamento do organismo consequentemente redução dos batimentos cardíacos, assim proporcionando maior sucesso tanto na deposição dos ovos quanto na avaliação pelos pesquisadores (NARAZAKI, *et al.*, 2025).

2.16 Tartaruga-de-pente (*Eretmochelys imbricata*)

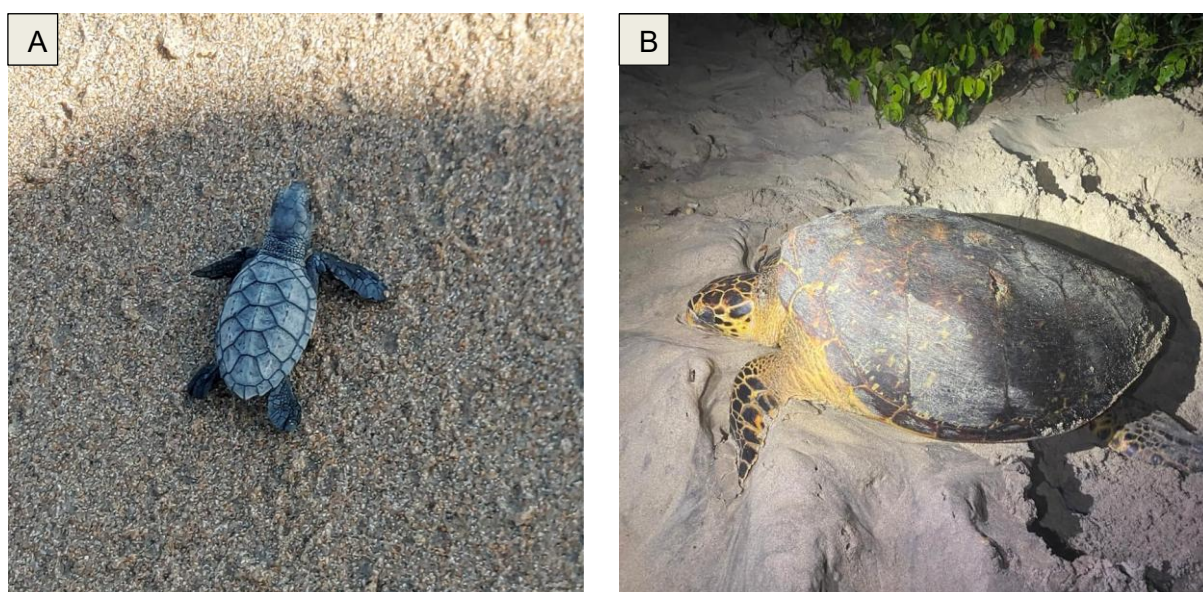
A tartaruga-de-pente, ou tartaruga verdadeira ou legítima, pertence ao gênero *Eretmochelys* da família das Cheloniidae, e atualmente está dentro da Lista Vermelha da União Internacional para a Conservação da Natureza com nível crítico de extinção (IUCN, 2018). Possui distribuição global, em regiões do Atlântico Central e do Indo-Pacífico, podendo ser encontrada também em países como México. No Brasil são encontradas desde o litoral do Espírito Santos ao Ceará, possuindo suas desovas em maior concentração no litoral norte da Bahia e litoral do Rio Grande do Norte (RN). Juvenis distribuem-se em todos os litorais norte e nordeste do país, sendo as principais áreas de alimentação o Arquipélago de Fernando de Noronha – Pernambuco (PE) e o Atol das Rocas - RN (MARCOVALDI, *et al.*, 2011; RIZZI, *et al.*, 2019; SANTOS, *et al.*, 2025; GALLO, 2021).

Essa espécie se diferencia das outras por apresentar quatro pares de escudos laterais, que estão sobrepostos na carapaça e outros quatro pares inframarginais no plastrão e três pares pós-orbitais na cabeça e dois pares de escamas pré-frontais. Outra particularidade é sua borda

posterior da carapaça ser serrilhada (escamas imbricadas). Ela também apresenta dois dedos com unhas em cada extremidade. Além disso, sua cabeça é estreita e seu focinho pontiagudo que lembra um bico (ramfoteca). Suas fêmeas adultas podem chegar a medir até em torno de 97,4cm (BAPTISTOTTE, 2014; GALLO, 2021).

Sabe-se que nidificam próximas ou dentro da vegetação e a duração média acaba sendo maior devido às menores temperaturas locais, sendo que esse período ocorre de outubro a maio que são os meses mais quentes, tendo o pico entre fevereiro e março. Quando nascem possuem coloração marrom-mogno (Figura 6A), escura tanto na carapaça, quanto no plastrão, ao passo que cresce a cabeça alonga-se e a carapaça passar a ter cores amarela, preta, canela e marrom em cada escudo, persistindo na fase adulta (Figura. 6B). Além disso, ela possui hibridização com outras espécies como a Tartaruga-oliva e Tartaruga-cabeçuda (WYNEKEN, J., 2004; MONTERO, *et al.*, 2018).

Figura 5. Imagens de estágios da vida da Tartaruga-de-pente.



Fonte: Acervo próprio, 2025. (A) Filhote de tartaruga-de-pente; (B) Fêmea adulta de Tartaruga-de-pente.

São animais que quando filhotes vivem em bancos de algas e alimentam-se de pequenos crustáceos, ovos de peixes, moluscos, corais etc. Desta forma sendo consideradas carnívora e onívora. As juvenis e os adultos possuem alta fidelidade aos locais e comem principalmente esponjas. Logo sua alimentação está diretamente ligada ao seu habitat, como os recifes e locais rochosos (DIAS, *et al.*, 2024; SANTOS, *et al.*, 2025). Trata-se da primeira espécie em território brasileiro que apresenta maior número de ninhos no litoral, além disso o número de ovos por ninho pode chegar até 140 (CAMILLO, *et al.*, 2009).

3 JUSTIFICATIVA

A resistência antimicrobiana (RAM) não afeta apenas os seres humanos, mas também os animais (FUJITA *et al.*, 2022). Os animais silvestres atuam como importantes bioindicadores dos níveis de poluição ambiental, refletindo no grau de contaminação dos ecossistemas, uma vez que vivem em vida livre e, em geral, não mantêm contato direto com os seres humanos (BUELOW *et al.*, 2021; CARRASCO *et al.*, 2025). A RAM quando não adquirida pode desenvolver-se naturalmente pelos microrganismos, pois trata-se de um mecanismo de sobrevivência, assim sendo ou não interferida pelas ações do homem, ela desenvolve-se (D’COSTA *et al.*, 2011).

As atividades antrópicas impactam diversos habitats e espécies, com destaque para os ambientes marinhos. O lançamento de resíduos provenientes de áreas residenciais, hospitalares, agropecuárias e agrícolas diretamente nos corpos de água compromete a qualidade ambiental e afeta os organismos que neles habitam. Nesse contexto, as tartarugas marinhas destacam-se como espécies particularmente vulneráveis, uma vez que, durante o período reprodutivo, aproximam-se da zona costeira para acasalamento e deposição dos ovos (GOMES *et al.*, 2024; THIAGARAJAN *et al.*, 2025).

Considerando que as regiões costeiras apresentam níveis de poluição, esses animais podem atuar como importantes indicadores da contaminação ambiental, pois sua longa vida no mar e sua aproximação à costa para desova permitem refletir tanto a contaminação costeira quanto a oceânica (DIAS *et al.*, 2024).

Dessa forma, a identificação de bactérias, bem como de seus mecanismos enzimáticos de resistência, é fundamental para subsidiar o uso racional de antimicrobianos, especialmente na medicina veterinária, área na qual a fiscalização ainda é limitada. A incorporação desse controle à prática profissional do médico-veterinário torna-se, portanto, essencial.

4 OBJETIVOS

4.1 OBJETIVOS GERAIS

Investigar a ocorrência de bactérias gram-negativas multirresistentes e seus genes de resistência antimicrobiana em tartarugas fêmeas da espécie *Eretmochelys imbricata* durante o período reprodutivo no litoral norte do estado do Rio Grande do Norte.

4.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

4.2.1 Isolar bactérias Gram-negativas com perfil de multirresistência a partir de amostras da mucosa cloacal de fêmeas de *Eretmochelys imbricata* e da superfície dos ovos;

4.2.2 Identificar as espécies bacterianas isoladas a partir das amostras coletadas;

4.2.3 Determinar os perfis de fenotípicos de resistência antimicrobiana das bactérias isoladas frente a diferentes classes de antibiótico.;

4.2.4 Detectar genes de resistência antimicrobiana nas bactérias isoladas;

5 REFERÊNCIAS

ABESSA, Denis Moledo de Souza et al. Efeitos ambientais da disposição oceânica de esgotos por meio de emissários submarinos: uma revisão. *O Mundo da Saúde*, [S.L.], v. 36, n. 4, p. 643-661, 1 out. 2012. Centro Universitario Sao Camilo - Sao Paulo. <http://dx.doi.org/10.15343/0104-7809.2012364643661>.

AL-BAHRY, Saif N. *et al.* Antibiotic resistant bacteria as bio-indicator of polluted effluent in the green turtles, *Chelonia mydas* in Oman. *Marine Environmental Research*, [S.L.], v. 71, n. 2, p. 139-144, mar. 2011. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.marenvres.2010.12.005>.

AL-KHAFI, Noor S. K. *et al.* Prevalence of plasmid-mediated quinolone resistance genes and biofilm formation in different species of quinolone-resistant clinical *Shigella* isolates: a cross-sectional study. *European Journal Of Medical Research*, [S.L.], v. 29, n. 1, p. 1, 14 ago. 2024. Springer Science and Business Media LLC. <http://dx.doi.org/10.1186/s40001-024-02007-y>.

ALMEIDA, A. R. Comportamento reprodutivo de tartarugas marinhas. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE ETOLOGIA, 19., 2001, Juiz de Fora. *Anais* [...]. Juiz de Fora: Universidade Federal de Juiz de Fora, 2001. p. 62–65.

ALMEIDA, Linda Rocio Ojeda et al. Plásticos no ambiente marinho frio: uma revisão sobre o potencial de biodegradação microbiana. *Research, Society And Development*, [S.L.], v. 10, n. 3, p. 49310313642, 23 mar. 2021. Research, Society and Development. <http://dx.doi.org/10.33448/rsd-v10i3.13642>.

ALMEIDA, Wesley Natam Martins *et al.* Impactos da utilização de antimicrobianos na resistência antimicrobiana: uma revisão de literatura com abordagem da saúde única. **Zenodo**, [S.L.], p. 1, 13 set. 2023. Zenodo. <http://dx.doi.org/10.5281/ZENODO.8341620>.

ARRUDA, Camila Janaina Manguiera de et al. Revisão bibliográfica de antibióticos beta-lactâmicos. *Revista Saúde em Foco*, p. 982–995, 2019.

BAPTISTOTTE, Cecília. Tartarugas marinhas: Projeto Tamar. In: CONGRESSO DE HERPETOLOGIA NO BRASIL, 1994, [local não informado]. Anais... [ou Anais do Congresso]. [S.l.]: [s.n.], 1994. p. 33-37.

BARAN, Aleksandra *et al.* Antibiotics and Bacterial Resistance—A Short Story of an Endless Arms Race. *International Journal Of Molecular Sciences*, [S.L.], v. 24, n. 6, p. 5777, 17 mar. 2023. MDPI AG. <http://dx.doi.org/10.3390/ijms24065777>.

BARATA, Ricardo Andrade *et al.* Survey of parasites in sea turtles rescued off the coast of Santa Catarina and Paraná, Brazil (2020-2022) and their relationship with marine pollution. **Marine Pollution Bulletin**, [S.L.], v. 201, p. 116190, abr. 2024. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.marpolbul.2024.116190>.

BASÍLIO, Thiago Holanda (Org.). *Biodiversidade e conservação das ilhas costeiras do litoral sul capixaba*. São Paulo: Lura, 2020. Disponível em: <http://biblioteca.ifes.edu.br:8080/pergamumweb/vinculos/00001a/00001a7c.pdf>. Acesso em: 24 jan. 2026.

BELAY, Wubetu Yihunie *et al.* Mechanism of antibacterial resistance, strategies and next-generation antimicrobials to contain antimicrobial resistance: a review. *Frontiers In Pharmacology*, [S.L.], v. 15, p. 1, 16 ago. 2024. Frontiers Media SA. <http://dx.doi.org/10.3389/fphar.2024.1444781>.

BELTRÃO FILHO, Leo Gustavo Coutinho *et al.* RESISTÊNCIA A AMINOGLICOSÍDEOS EM *Staphylococcus aureus*. **Perspectivas Integradas em Saúde, Bem-Estar e Qualidade de Vida** 4, [S.L.], p. 76-85, 18 mar. 2025. Atena Editora. <http://dx.doi.org/10.22533/at.ed.767142518038>.

BONOMO, Robert A.. β -Lactamases: a focus on current challenges. **Cold Spring Harbor Perspectives In Medicine**, [S.L.], v. 7, n. 1, p. 025239, 14 out. 2016. Cold Spring Harbor Laboratory. <http://dx.doi.org/10.1101/cshperspect.a025239>.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. *Atualização sobre uso racional de antimicrobianos e boas práticas de produção*. Brasília: MAPA, 2022.

BUELOW, Elena *et al.* Role of pollution on the selection of antibiotic resistance and bacterial pathogens in the environment. **Current Opinion In Microbiology**, [S.L.], v. 64, p. 117-124, dez. 2021. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.mib.2021.10.005>.

BUSH, Karen. Past and Present Perspectives on β -Lactamases. *Antimicrobial Agents And Chemotherapy*, [S.L.], v. 62, n. 10, p. 1, out. 2018. American Society for Microbiology. <http://dx.doi.org/10.1128/aac.01076-18>.

CAMILLO, Cássia Santos *et al.* Características da reprodução de tartarugas marinhas (Testudines, Cheloniidae) no litoral sul da Bahia, Brasil. *Biota Neotropica*, [S.L.], v. 9, n. 2, p. 131-137, jun. 2009. FapUNIFESP (SciELO). <http://dx.doi.org/10.1590/s1676-06032009000200013>.

CARRASCO, Lara *et al.* Birds as Bioindicators: revealing the widespread impact of microplastics. *Birds*, [S.L.], v. 6, n. 1, p. 10, 11 fev. 2025. MDPI AG. <http://dx.doi.org/10.3390/birds6010010>.

CASTRO, Ícaro Rainyer Rodrigues de; CASTRO, Lucas Rodrigues de; LIMA, Alyne Cristina Sodr . B ct rias resistentes a antibi ticos em ambiente aqu tico: efeito na produ  o animal / Antibiotic resistant bacteria in aquatic environment: effect on animal production. *Ci ncia Animal (Impr.)*, v. 32, n. 1, p. 84–99, jan./mar. 2022.

CASTANHEIRA, Mariana *et al.* Extended-spectrum β -lactamases: an update on their characteristics, epidemiology and detection. **Jac-Antimicrobial Resistance**, [S.L.], v. 3, n. 3, p. 1, 12 jul. 2021. Oxford University Press (OUP). <http://dx.doi.org/10.1093/jacamr/dlab092>.

CHEN, Yuan *et al.* Metagenomic comparison of gut communities between hawksbills (*Eretmochelys imbricata*) and green sea turtles (*Chelonia mydas*). **Archives Of Microbiology**, [S.L.], v. 204, n. 8, p. 1, 3 jul. 2022. Springer Science and Business Media LLC. <http://dx.doi.org/10.1007/s00203-022-03073-8>.

CHUEN-IM, Thanaporn *et al.* The Occurrence of Vibrionaceae, Staphylococcaceae, and Enterobacteriaceae in Green Turtle *Chelonia mydas* Rearing Seawater. *Journal Of Aquatic*

Animal Health, [S.L.], v. 31, n. 4, p. 303-310, 11 nov. 2019. Oxford University Press (OUP). <http://dx.doi.org/10.1002/aah.10082>.

COOK, Michael A. *et al.* The past, present, and future of antibiotics. Science Translational Medicine, [S.L.], v. 14, n. 657, p. 1, 10 ago. 2022. American Association for the Advancement of Science (AAAS). <http://dx.doi.org/10.1126/scitranslmed.abo7793>.

D'COSTA, Vanessa M. *et al.* Antibiotic resistance is ancient. Nature, [S.L.], v. 477, n. 7365, p. 457-461, 31 ago. 2011. Springer Science and Business Media LLC. <http://dx.doi.org/10.1038/nature10388>.

DIAS, Amanda Simão *et al.* *Caracterização de isolados bacterianos marinhos em relação à sua suscetibilidade a antimicrobianos e ao seu potencial de ação antimicrobiana*. 2024. Dissertação (Programa de Pós-Graduação em Biologia Celular e Molecular) — Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul, 2024.

DILLEY, Michelle *et al.* Immediate and Delayed Hypersensitivity Reactions to Antibiotics: aminoglycosides, clindamycin, linezolid, and metronidazole. **Clinical Reviews In Allergy & Immunology**, [S.L.], v. 62, n. 3, p. 463-475, 15 dez. 2021. Springer Science and Business Media LLC. <http://dx.doi.org/10.1007/s12016-021-08878-x>.

DIOGO, Bárbara *et al.* Antibióticos. Revista de Ciência Elementar, [S.L.], v. 11, n. 1, p. 1, 30 mar. 2023. ICETA. <http://dx.doi.org/10.24927/rce2023.007>.

DRANE, Kezia *et al.* Testudines as Sentinels for Monitoring the Dissemination of Antibiotic Resistance in Marine Environments: an integrative review. Antibiotics, [S.L.], v. 10, n. 7, p. 775, 25 jun. 2021. MDPI AG. <http://dx.doi.org/10.3390/antibiotics10070775>.

EISENREICH, Wolfgang *et al.* Link Between Antibiotic Persistence and Antibiotic Resistance in Bacterial Pathogens. Frontiers In Cellular And Infection Microbiology, [S.L.], v. 12, p. 1, 19 jul. 2022. Frontiers Media SA. <http://dx.doi.org/10.3389/fcimb.2022.900848>.

FERREIRA, Gabriel da Silva *et al.* Ação antrópica, conservação e perfil das tartarugas marinhas no Brasil: uma revisão narrativa da literatura. Research, Society And Development,

[S.L.], v. 11, n. 12, p. 589111235172, 25 set. 2022. Research, Society and Development. <http://dx.doi.org/10.33448/rsd-v11i12.35172>.

FUJITA, Ayako Wendy *et al.* Antimicrobial Resistance Through the Lens of One Health in Ethiopia: a review of the literature among humans, animals, and the environment. *International Journal Of Infectious Diseases*, [S.L.], v. 119, p. 120-129, jun. 2022. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.ijid.2022.03.041>.

GALLO, Maria Fernanda Subtil. *Tartarugas marinhas do Brasil: uma revisão bibliográfica*. 2021. Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Ciências Biológicas) — UniGuairacá Centro Universitário, Guarapuava, 2021.

GOMES, Beatriz Guimarães *et al.* Assessment of the ingestion of anthropogenic debris by green turtles along the south-central coast of Rio de Janeiro, Brazil. *Ocean And Coastal Research*, [S.L.], v. 72, p. 1, 2024. FapUNIFESP (SciELO). <http://dx.doi.org/10.1590/2675-2824072.23086>.

HADDAD, Mohammed F *et al.* Antibiotic classification, mechanisms, and indications: a review. *International Journal Of Medical And All Body Health Research*, [S.L.], v. 5, n. 3, p. 39-46, 2024. Anfo Publication House. <http://dx.doi.org/10.54660/ijmbhr.2024.5.3.39-46>.

HALAWA, Esraa M. *et al.* Antibiotic action and resistance: updated review of mechanisms, spread, influencing factors, and alternative approaches for combating resistance. *Frontiers In Pharmacology*, [S.L.], v. 14, p. 1, 12 jan. 2024. Frontiers Media SA. <http://dx.doi.org/10.3389/fphar.2023.1305294>.

JACOBY, George A. *et al.* Plasmid-Mediated Quinolone Resistance. *Microbiology Spectrum*, [S.L.], v. 2, n. 5, p. 1, 19 set. 2014. American Society for Microbiology. <http://dx.doi.org/10.1128/microbiolspec.plas-0006-2013>.

KADERABKOVA, Nikol *et al.* The biogenesis of β -lactamase enzymes. **Microbiology**, [S.L.], v. 168, n. 8, p. 1, 22 set. 2022. Microbiology Society. <http://dx.doi.org/10.1099/mic.0.001217>.

KANG, Su-Jin *et al.* Metallo- β -lactamase inhibitors: a continuing challenge for combating antibiotic resistance. **Biophysical Chemistry**, [S.L.], v. 309, p. 107228, jun. 2024. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.bpc.2024.107228>.

LABORDA, Pablo *et al.* Wildlife and Antibiotic Resistance. *Frontiers In Cellular And Infection Microbiology*, [S.L.], v. 12, p. 1, 11 maio 2022. Frontiers Media SA. <http://dx.doi.org/10.3389/fcimb.2022.873989>.

LATORRE-BARRAGAN, María Fernanda *et al.* β -lactam antibiotics resistance in Latin American countries. *Medwave*, [S.L.], v. 19, n. 10, p. 7729-7729, 30 nov. 2019. Medwave Estudios Limitada. <http://dx.doi.org/10.5867/medwave.2019.10.7729>.

LIU, Xingxiang *et al.* A review of spatial distribution of typical antibiotic resistance genes in marine environment surrounding China. *Marine Pollution Bulletin*, [S.L.], v. 203, p. 116482, jun. 2024. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.marpolbul.2024.116482>.

LOUREIRO, Rui João *et al.* O uso de antibióticos e as resistências bacterianas: breves notas sobre a sua evolução. *Revista Portuguesa de Saúde Pública*, [S.L.], v. 34, n. 1, p. 77-84, jan. 2016. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.rpsp.2015.11.003>.

MACHADO, Olga Vale Oliveira; *et al.* *Antimicrobianos: revisão geral para graduandos e generalistas* [recurso eletrônico]. Fortaleza: EdUnichristus, 2019.

MAGALHÃES, Vanessa *et al.* Desafios no combate à resistência antimicrobiana: abordagem global e local. **Brazilian Journal Of Implantology And Health Sciences**, [S.L.], v. 7, n. 1, p. 248-257, 8 jan. 2025. Brazilian Journal of Implantology and Health Sciences. <http://dx.doi.org/10.36557/2674-8169.2025v7n1p248-257>.

MARCOVALDI, M. A.; CHALOUPKA, M. Conservation status of the loggerhead sea turtle in Brazil: an encouraging outlook. *Endangered Species Research*, Alemanha, v. 3, p. 133–143, 2007.

MARCOVALDI, Maria Ângela *et al.* Avaliação do estado de conservação da tartaruga marinha *Eretmochelys imbricata* (Linnaeus, 1766) no Brasil. *Biodiversidade Brasileira*, v. 1, n. 1, 2011.

MARCOVALDI, Maria Ângela et al. Avaliação do estado de conservação da tartaruga marinha *Eretmochelys imbricata* (Linnaeus, 1766) no Brasil. *Biodiversidade Brasileira*, [S.L.], v. 1, n. 1, p. 1, 13 mar. 2011. Instituto Chico Mendes de Conservacao da Biodiversidade - ICBBio. <http://dx.doi.org/10.37002/biodiversidadebrasileira.v1i1.88>.

MARCOVALDI, Maria Ângela *et al.* Avaliação do estado de conservação da tartaruga marinha *Eretmochelys imbricata* (Linnaeus, 1766) no Brasil. **Biodiversidade Brasileira**, [S.L.], v. 1, n. 1, p. 1, 13 mar. 2011. Instituto Chico Mendes de Conservacao da Biodiversidade - ICBBio. <http://dx.doi.org/10.37002/biodiversidadebrasileira.v1i1.88>.

MARCOVALDI, Maria Ângela; DEI MARCOVALDI, Guy Guagni. Marine turtles of Brazil: the history and structure of Projeto TAMAR-IBAMA. *Biological Conservation*, v. 91, n. 1, p. 35–41, 1999.

MARCOVALDI, Maria Ângela; GODFREY, Matthew H.; MROSOVSKY, N. Estimating sex ratios of loggerhead turtles in Brazil from pivotal incubation durations. *Canadian Journal of Zoology*, v. 75, n. 5, p. 755–770, 1997.

MATHEOU, Andreas et al. Antibiotic Use in Livestock Farming: a driver of multidrug resistance?. *Microorganisms*, [S.L.], v. 13, n. 4, p. 779, 28 mar. 2025. MDPI AG. <http://dx.doi.org/10.3390/microorganisms13040779>.

MAYER, Claudine *et al.* The Molecular Genetics of Fluoroquinolone Resistance in *Mycobacterium tuberculosis*. **Microbiology Spectrum**, [S.L.], v. 2, n. 4, p. 1, 15 ago. 2014. American Society for Microbiology. <http://dx.doi.org/10.1128/microbiolspec.mgm2-0009-2013>.

MONTERO, Natalie *et al.* Warmer and wetter conditions will reduce offspring production of hawksbill turtles in Brazil under climate change. *Plos One*, [S.L.], v. 13, n. 11, p. 0204188, 8 nov. 2018. Public Library of Science (PLoS). <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0204188>.

MOTA, Leticia M. *et al.* Uso racional de antimicrobianos. *Medicina (Ribeirão Preto)*, [S.L.], v. 43, n. 2, p. 164-172, 30 jun. 2010. Universidade de Sao Paulo, Agencia USP de Gestao da Informacao Academica (AGUIA). <http://dx.doi.org/10.11606/issn.2176-7262.v43i2p164-172>.

MOTA, Leticia M. *et al.* Uso racional de antimicrobianos. **Medicina (Ribeirão Preto)**, [S.L.], v. 43, n. 2, p. 164-172, 30 jun. 2010. Universidade de Sao Paulo, Agencia USP de Gestao da Informacao Academica (AGUIA). <http://dx.doi.org/10.11606/issn.2176-7262.v43i2p164-172>.

MOYO, Phanankosi *et al.* β -Lactam antibiotics and β -lactamases: historical perspectives and a review of β -lactamase inhibitors derived from natural products. **Natural Product Reports**, [S.L.], p. 1, 2026. Royal Society of Chemistry (RSC). <http://dx.doi.org/10.1039/d5np00081e>.

NARAZAKI, Tomoko *et al.* Apparent reduction in heart rate during oviposition revealed by non-invasive heart rate monitoring of gravid loggerhead turtles. *Frontiers In Physiology*, [S.L.], v. 16, p. 1, 2 jul. 2025. Frontiers Media SA. <http://dx.doi.org/10.3389/fphys.2025.1540252>.

NARO-MACIEL, Eugenia; MROSOVSKY, N.; MARCOVALDI, Maria Ângela. Thermal profiles of sea turtle hatcheries and nesting areas at Praia do Forte, Brazil. *Chelonian Conservation and Biology*, v. 3, n. 3, p. 407–413, 1999.

OLIVEIRA, Manuela *et al.* An Overview of the Recent Advances in Antimicrobial Resistance. *Microorganisms*, [S.L.], v. 12, n. 9, p. 1920, 21 set. 2024. MDPI AG. <http://dx.doi.org/10.3390/microorganisms12091920>.

OLIVEIRA, Radan Elvis Matias de. *Morfologia e achados anatomopatológicos do trato digestório de tartarugas marinhas*. 2022. Dissertação (Mestrado) — Universidade Federal Rural do Semi-Árido.

PEIRANO, Gisele *et al.* Rapidly spreading Enterobacterales with OXA-48-like carbapenemases. *Journal Of Clinical Microbiology*, [S.L.], v. 63, n. 2, p. 1, 19 fev. 2025. American Society for Microbiology. <http://dx.doi.org/10.1128/jcm.01515-24>.

PHILIPPON, Alain *et al.* Class C β -Lactamases: molecular characteristics. **Clinical Microbiology Reviews**, [S.L.], v. 35, n. 3, p. 1, 21 set. 2022. American Society for Microbiology. <http://dx.doi.org/10.1128/cmr.00150-21>.

RAMIREZ, Maria S. *et al.* Aminoglycoside modifying enzymes. **Drug Resistance Updates**, [S.L.], v. 13, n. 6, p. 151-171, dez. 2010. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.drug.2010.08.003>.

RIVERA, Alba *et al.* Importancia de los controles de calidad para la detección de la resistencia a antibióticos β -lactámicos en enterobacterias. *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*, [S.L.], v. 32, p. 30-36, fev. 2014. Elsevier BV. [http://dx.doi.org/10.1016/s0213-005x\(14\)70147-8](http://dx.doi.org/10.1016/s0213-005x(14)70147-8).

RIZZI, Milena *et al.* Ingestion of plastic marine litter by sea turtles in southern Brazil: abundance, characteristics and potential selectivity. *Marine Pollution Bulletin*, [S.L.], v. 140, p. 536-548, mar. 2019. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.marpolbul.2019.01.054>.

ROSA, Jocasta Luisa Noveli da. *Antibióticos, bases, conceitos e fundamentos essenciais para o profissional de saúde*. 2011. Trabalho de Conclusão de Curso (Bacharelado em Farmácia) — Universidade do Extremo Sul Catarinense, UNESC.

SANTOS, Alexsandro Sant'ana dos *et al.* Ficha de Eretmochelys imbricata. Datasets - Sistema Salve - Icmbio, [S.L.], p. 1, 7 jun. 2023. Instituto Chico Mendes de Conservacao da Biodiversidade - ICBBio. <http://dx.doi.org/10.37002/salve.ficha.12568.2>.

SANTOS, Wagner Marculino de Souza *et al.* USO INCORRETO DE ANTIBIÓTICOS. *Revista Ibero-Americana de Humanidades, Ciências e Educação*, [S.L.], v. 10, n. 6, p. 3272-3287, 19 jun. 2024. *Revista Ibero-Americana de Humanidades, Ciencias e Educacao*. <http://dx.doi.org/10.51891/rease.v10i6.14662>.

SAWA, Teiji *et al.* Molecular diversity of extended-spectrum β -lactamases and carbapenemases, and antimicrobial resistance. *Journal Of Intensive Care*, [S.L.], v. 8, n. 1, p. 1, 28 jan. 2020. Springer Science and Business Media LLC. <http://dx.doi.org/10.1186/s40560-020-0429-6>.

SHORT, Fernanda S. *et al.* Antimicrobial-Resistant Bacteria from Free-Living Green Turtles (*Chelonia mydas*). *Antibiotics*, [S.L.], v. 12, n. 8, p. 1268, 1 ago. 2023. MDPI AG. <http://dx.doi.org/10.3390/antibiotics12081268>.

SILVA, Jean Carlos Ramos. *Tratado de animais selvagens: medicina veterinária*. São Paulo: Editora Roca, 2007.

SOUSA, Vanessa Pereira de; Camargo, Beatriz. Farmacovigilância no uso indiscriminado de quinolonas e fluoroquinolonas. *Revista Eletrônica do ICESP – Repositório Institucional*, v. 2, n. 2, 2023.

SPAGNOLO, Fabrizio *et al.* Why Do Antibiotics Exist? **Mbio**, [S.L.], v. 12, n. 6, p. 1, 21 dez. 2021. American Society for Microbiology. <http://dx.doi.org/10.1128/mbio.01966-21>.

TANG, Ka Wah Kelly *et al.* Antimicrobial Resistance (AMR). *British Journal Of Biomedical Science*, [S.L.], v. 80, p. 1, 28 jun. 2023. Frontiers Media SA. <http://dx.doi.org/10.3389/bjbs.2023.11387>.

THIAGARAJAN, C. *et al.* The urgent challenge of ocean pollution: impacts on marine biodiversity and human health. *Regional Studies In Marine Science*, [S.L.], v. 81, p. 103995, jan. 2025. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.rsma.2024.103995>.

UDDIN, Tanvir Mahtab *et al.* Antibiotic resistance in microbes: history, mechanisms, therapeutic strategies and future prospects. **Journal Of Infection And Public Health**, [S.L.], v. 14, n. 12, p. 1750-1766, dez. 2021. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.jiph.2021.10.020>.

VRANCIANU, Corneliu Ovidiu *et al.* Emerging Strategies to Combat β -Lactamase Producing ESKAPE Pathogens. *International Journal Of Molecular Sciences*, [S.L.], v. 21, n. 22, p. 8527, 12 nov. 2020. MDPI AG. <http://dx.doi.org/10.3390/ijms21228527>.

WYNEKEN, Jeanette. LAANATOMÍA DE LAS TORTUGAS MARINAS. U.s: Department Of Commerce Noaatechnical Memorandum Nmfs-Sefsc, 2004. 181 p. Disponível em: [ANATO TORTUGAS.pdf](#) Acesso em: 20 jan. 2026.

ZEVEDO, M. Â. As tartarugas marinhas do litoral brasileiro. Ciência Hoje, [s.l.], ano 1, n. 5, p. 32–35, 1983.

CAPÍTULO 1 - Identificação de genes que codificam mecanismos de resistência em bactérias presentes na cloaca e na superfície da casca dos ovos de tartarugas-de-pente fêmeas (*Eretmochelys imbricata*) ao longo da costa do Rio Grande do Norte, Brasil.

Submetido: Veterinary Research Communications

Fator de impacto: 2.41

Qualis: Q1

Identificação de genes que codificam mecanismos de resistência em bactérias presentes na cloaca e na superfície da casca dos ovos de tartarugas-de-pente fêmeas (*Eretmochelys imbricata*) ao longo da costa do Rio Grande do Norte, Brasil.

Autores: Eloisa Estefanny Araújo Santos¹; Beatriz da Silva Carneiro²; Gabriela Vieira Bernardo³; Francisco Sérvulo de Oliveira Carvalho⁴; Ana Larissa Pereira de Moura⁶; Arthur Mousinho de Andrade Veríssimo⁹; Isadora Natalia Rocha Barreto⁷; Lucas Gabriel Verissimo Pinheiro da Silva⁷; Kássia Jéssica Galdino da Silva⁸; Rafael Wesley Bastos⁸; Maria Celeste Nunes de Melo⁸; Carlos Eduardo Bezerra de Moura¹; Caio Augusto Martins Aires⁵.

¹Graduate Program in Animal Science, Federal Rural University of the Semi-Arid Region (UFERSA), Brazil.

²Veterinary Medicine Program, Federal Rural University of the Semi-Arid Region (UFERSA), Brazil.

³Biotechnology Program, Federal Rural University of the Semi-Arid Region (UFERSA), Mossoró, Rio Grande do Norte, Brazil.

⁴Master's degree in Biotechnology, Federal University of Ceará (UFC), Brazil.

⁵Department of Health Sciences, Federal Rural University of the Semi-Arid Region (UFERSA), Brazil.

⁶Graduate Program in Biochemistry and Molecular Biology, State University of Rio Grande do Norte (UERN), Brazil.

⁷Cabo de São Roque Association (APC), Brazil.

⁸Federal University of Rio Grande do Norte (UFRN), Brazil.

⁹Program of Biosciences and Biotechnology in Health, Aggeu Magalhães Institute - Fiocruz Pernambuco, Recife, Brazil.

Corresponding author: Caio Augusto Martins Aires; Address: Department of Health Sciences, Federal Rural University of the Semi-Arid Region (UFERSA), Brazil Postal Address: Avenida Francisco Mota, 572, Bairro Costa e Silva, postal code 59625 900, Mossoró, Rio Grande do Norte, Brasil. Phone: +55 (84) 997086775 Email address: caio.aires@ufersa.edu.br

Corresponding author: Carlos Eduardo Bezerra de Moura; Address: Department of Animal Sciences, Federal Rural University of the Semi-Arid Region (UFERSA), Brazil; **Postal Address:** Avenida Francisco Mota, 572, Bairro Costa e Silva, postal code 59625-900, Mossoró, Rio Grande do Norte, Brazil; **Email address:** carlos.moura@ufersa.edu.br

Resumo

A resistência antimicrobiana é um desafio global de saúde pública que vai além dos ambientes clínicos e envolve cada vez mais reservatórios ambientais e da vida selvagem. Ecossistemas costeiros e marinhos recebem efluentes de fontes urbanas, hospitalares, agrícolas e pecuárias, facilitando a disseminação de bactérias resistentes a antimicrobianos e genes de resistência. Nesse contexto, as tartarugas marinhas podem atuar como sentinelas da contaminação ambiental devido à sua longevidade e estreita interação com habitats costeiros. A tartaruga-de-pente (*Eretmochelys imbricata*), espécie ameaçada de extinção que nidifica ao longo da costa nordeste do Brasil, representa um importante modelo para avaliar a exposição a longo prazo à resistência antimicrobiana sob a perspectiva de Saúde Única. Este estudo investigou a ocorrência de bactérias resistentes a antimicrobianos e determinantes genéticos de resistência em tartarugas-de-pente em fase de nidificação. Amostras da cloaca e da superfície da casca do ovo foram coletadas de 15 fêmeas em fase de nidificação, resultando em 39 isolados bacterianos Gram-negativos. A identificação bacteriana foi realizada utilizando métodos bioquímicos convencionais e espectrometria de massa por ionização/dessorção a laser assistida por matriz com tempo de voo (MALDI-TOF). A suscetibilidade antimicrobiana foi avaliada utilizando o método de difusão em disco e o índice de resistência a múltiplos antibióticos foi calculado. Os genes de resistência foram rastreados utilizando ensaios de reação em cadeia da polimerase. Os isolados foram predominantemente identificados como *Pseudomonas* spp., seguidos por membros da ordem *Enterobacterales*, incluindo *Enterobacter hormaechei*, *Shewanella algae* e *Klebsiella* spp. Altas taxas de resistência foram observadas aos antibióticos beta-lactâmicos, enquanto alta suscetibilidade foi mantida aos aminoglicosídeos, fluoroquinolonas, tetraciclina e polimixina B. Vários isolados exibiram valores de índice de resistência a múltiplos antibióticos acima de 0,2 e genes associados à resistência a beta-lactâmicos e quinolonas foram detectados. Essas descobertas destacam as tartarugas marinhas como bioindicadoras de resistência antimicrobiana em ecossistemas costeiros.

Palavras-chave: *Eretmochelys imbricata*; Tartaruga marinha; bioindicadores; Resistência a antibióticos;

Abstract

Antimicrobial resistance is a global public health challenge that extends beyond clinical settings and increasingly involves environmental and wildlife reservoirs. Coastal and marine ecosystems receive effluents from urban, hospital, agricultural, and livestock sources, facilitating the dissemination of antimicrobial-resistant bacteria and resistance genes. Within this context, marine turtles may act as sentinels of environmental contamination due to their longevity and close interaction with coastal habitats. The hawksbill sea turtle (*Eretmochelys imbricata*), an endangered species that nests along the northeastern coast of Brazil, represents an important model for assessing long-term exposure to antimicrobial resistance under a One Health framework. This study investigated the occurrence of antimicrobial-resistant bacteria and genetic resistance determinants in nesting hawksbill turtles. Cloacal and eggshell surface samples were collected from 15 nesting females, yielding 39 Gram-negative bacterial isolates. Bacterial identification was performed using conventional biochemical methods and matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry. Antimicrobial susceptibility was assessed using the disk diffusion method, and the multiple antibiotic resistance index was calculated. Resistance genes were screened using polymerase chain reaction assays. The isolates were predominantly identified as *Pseudomonas* spp., followed by members of the order *Enterobacterales*, including *Enterobacter hormaechei*, *Shewanella algae*, and *Klebsiella* spp. High resistance rates were observed to beta-lactam antibiotics, whereas high susceptibility was maintained to aminoglycosides, fluoroquinolones, tetracycline, and polymyxin B. Several isolates exhibited multiple antibiotic resistance index values above 0.2, and genes associated with resistance to beta-lactams and quinolones were detected. These findings highlight marine turtles as bioindicators of antimicrobial resistance in coastal ecosystems.

Keywords: *Eretmochelys imbricata*; Sea turtle; bioindicators; Antibiotic Resistance;

INTRODUÇÃO

O uso de antibióticos para o controle de infecções bacterianas tem sido essencial para a saúde humana e animal. No entanto, evidências extensas indicam que o uso inadequado e excessivo desses fármacos tem acelerado o surgimento e a disseminação da resistência antimicrobiana (RAM). A interface interconectada entre humanos, animais e o meio ambiente fornece uma via multidirecional para a circulação de bactérias resistentes e genes de resistência, reforçando a RAM como um desafio complexo dentro da abordagem de Saúde Única (One Health) (JOQUERA *et al.*, 2021; MIN *et al.*, 2022; SMOGLICA *et al.*, 2023).

Nos últimos anos, a ocorrência de bactérias resistentes a antibióticos em tartarugas marinhas tem recebido atenção crescente. Essa preocupação é intensificada pela presença de resíduos de antimicrobianos, metais pesados e microplásticos em ambientes marinhos, os quais podem atuar como pressões seletivas que favorecem a manutenção e a disseminação de determinantes de resistência (MASHKOUR *et al.*, 2020; EBANI *et al.*, 2023; BACHMANN *et al.*, 2025). Os ecossistemas marinhos, portanto, representam importantes reservatórios e rotas de disseminação da RAM, com potenciais implicações para a vida silvestre, a saúde humana e a integridade dos ecossistemas.

Essas espécies são consideradas bioindicadoras eficazes de contaminação ambiental, uma vez que resíduos de origem antrópica provenientes de efluentes domésticos, hospitalares, industriais e agrícolas alcançam os sistemas aquáticos e se acumulam ao longo das zonas costeiras (CUBAS; SILVA; CATÃO-DIAS, 2014; SALVARANI *et al.*, 2023).

As tartarugas marinhas passam a maior parte de seu ciclo de vida em ambientes marinhos, realizando extensas rotas migratórias para alimentação e reprodução. Durante a estação reprodutiva, as fêmeas permanecem por períodos prolongados em áreas costeiras para acasalamento e nidificação, aumentando sua exposição à poluição costeira por meio da água, do sedimento, da dieta e do contato com outros organismos. Esse comportamento ecológico permite a integração de sinais de contaminação de longo prazo e geograficamente diversos, tornando esses animais particularmente adequados para o monitoramento da RAM ambiental (AL-BAHRY *et al.*, 2011; CHEN *et al.*, 2022; GARCES *et al.*, 2023).

Cerca de cinco espécies de tartarugas marinhas listadas na Lista Nacional da Fauna Brasileira Ameaçada de Extinção (MMA, 2003) ocorrem no Brasil. A tartaruga-de-pente, *E. imbricata*, é classificada como Criticamente Em Perigo na Lista Vermelha da IUCN. Diferentemente de outras espécies, apresenta maturidade sexual tardia, iniciando a reprodução geralmente entre 25 e 30 anos de idade, o que aumenta seu valor como indicadora de exposição

ambiental cumulativa e de longo prazo a contaminantes, incluindo bactérias resistentes a antimicrobianos (MARCOVALDI *et al.*, 2011; EBANI *et al.*, 2023).

Animais submetidos à pressão antrópica ou mantidos em cativeiro são conhecidos por abrigar maiores cargas de microrganismos resistentes. Em tartarugas marinhas de vida livre, características de história de vida, como longevidade, comportamento migratório, permanência costeira durante a reprodução e ecologia alimentar, contribuem para seu papel como sentinelas biológicas da disseminação da RAM nos ecossistemas marinhos (JOQUERA *et al.*, 2021; ABDALLAH, 2023).

Nesse contexto, a investigação de bactérias resistentes a antibióticos e de seus genes de resistência enzimática associados em fêmeas nidificantes de tartaruga-de-pente (*E. imbricata*) é ao mesmo tempo inovadora e relevante. A dieta especializada da espécie, composta predominantemente por esponjas marinhas associadas a recifes de coral — reconhecidos como reservatórios de comunidades bacterianas diversas e complexas — pode facilitar a aquisição e o transporte de bactérias resistentes a antimicrobianos (BAPTISTOTTE *et al.*, 1999; ICMBio, 2023).

Assim, a detecção de bactérias resistentes e de genes de resistência em *E. imbricata* reforça seu papel como sentinela ambiental e evidencia a interdependência entre a saúde dos ecossistemas marinhos, a saúde da vida silvestre e a saúde humana. Esses achados estão alinhados com a abordagem de Saúde Única e destacam a importância de incorporar a vigilância da fauna silvestre nas estratégias destinadas a compreender e mitigar a disseminação da resistência antimicrobiana.

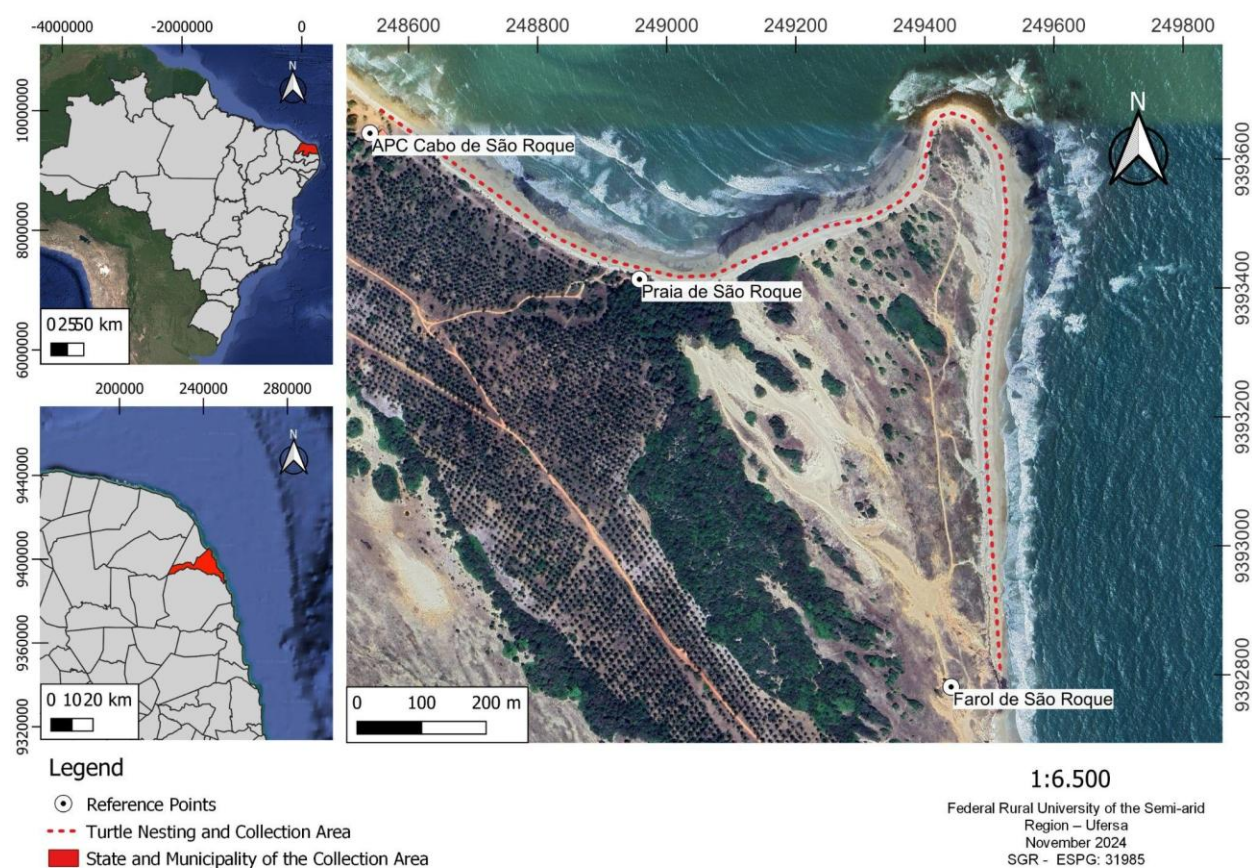
MATERIAIS E MÉTODOS

O presente estudo foi conduzido em parceria com a equipe técnica da Associação de Proteção e Conservação Ambiental Cabo de São Roque (APC). As informações de cada fêmea foram obtidas por meio da coleta de dados das fichas de campo da APC (Apêndice 2), que seguem protocolos padronizados de acordo com as exigências das autoridades regulatórias nacionais responsáveis por esse tipo de atividade, sob as seguintes licenças ambientais: Projeto TAMAR/Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade/Ministério do Meio Ambiente nº 64308 e Cadastro Técnico Federal de Atividades e Instrumentos de Defesa Ambiental (CTF/AIDA) nº 6476138 e 6640946. Além da autorização da Comissão de Ética no uso de Animais (CEUA), parecer de nº 39/2024 (Apêndice 1).

Local das coletas

O estudo foi realizado no município de Maxaranguape, localizado na microrregião do litoral leste do estado do Rio Grande do Norte. A área monitorada compreendeu 3 km dos 20 km de extensão da Praia de São Roque, iniciando nos campos de dunas e estendendo-se em direção ao Farol de São Roque, área com maior concentração de atividade de nidificação de fêmeas.

Figura 1. Localização da área de nidificação da tartaruga-de-pente ao longo da costa norte do estado.



Fonte: Desenvolvido pela autora, 2025.

Coleta de amostras

A coleta de amostras foi realizada entre janeiro e fevereiro de 2025, período que coincide com a estação reprodutiva de *Eretmochelys imbricata* na Praia de São Roque. Foram coletados amostras com *swab* da cloaca e da superfície da casca dos ovos durante a oviposição, estágio no qual as fêmeas se tornam menos sensíveis a distúrbios externos (EQUIPE DO CENTRO TAMAR/ICMBio, 2023).

O procedimento de coleta teve duração aproximada de 10 segundos, durante os quais um swab com meio de transporte Aimes foi suavemente friccionado na área-alvo com movimentos leves e controlados, a fim de evitar interferência no processo de nidificação. Após a coleta, os swabs foram acondicionados em recipiente térmico e mantidos sob refrigeração (1°C a 5°C) até a chegada ao Laboratório de Microbiologia Clínica da Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA), onde o processamento das amostras teve início em até 48 horas.

Figura 2. Pesquisador realizando coleta da amostra.



Fonte: acervo próprio, 2025.

Processamento das amostras

Os swabs coletados foram devidamente identificados, e as amostras foram inicialmente inoculadas em caldo Brain Heart Infusion (BHI) e incubadas a 37 °C por 24 horas. Após esse período, alíquotas foram transferidas para tubos Eppendorf de 1,5 mL contendo caldo

BHI suplementado com antibióticos nas concentrações finais de 10 µg/mL de meropenem e 4 µg/mL de ceftriaxona.

Subsequentemente, as culturas foram semeadas por estriamento em placas de ágar MacConkey contendo os mesmos antibióticos nas mesmas concentrações. Após 24 horas, as colônias crescidas foram identificadas, repicadas e armazenadas em caldo BHI suplementado com 15% de glicerol para análises posteriores.

Identificação bioquímica

A pré-identificação foi realizada por meio de testes bioquímicos convencionais, de acordo com a Agência Nacional de Vigilância Sanitária (2010), incluindo ágar Triple Sugar Iron (TSI), teste da urease, SIM (Sulfeto, Indol e Motilidade), produção de indol, utilização de citrato e ágar Lisina Ferro (LIA).

Identification of colonies in MALDI-TOF

As colônias previamente identificadas e isoladas foram encaminhadas para processamento por espectrometria de massa, na qual foram utilizadas alças estéreis para inoculação das colônias específicas, sendo estas transferidas para placas-alvo de MALDI-TOF. Em seguida, foram tratadas com ácido fórmico na própria placa e, posteriormente, adicionaram-se 1 a 2 µL de matriz sobre cada ponto, que foi deixado para secar. Na sequência, a placa foi inserida na câmara de ionização do espectrômetro de massa. Por fim, foi gerado um espectro de massa, que foi comparado com o banco de dados de espectros por meio do software (PATEL, 2015).

Teste de Suscetibilidade aos Antimicrobianos

O teste de suscetibilidade aos antimicrobianos foi realizado pelo método de difusão em disco de Kirby–Bauer, de acordo com as diretrizes vigentes do BrCAST. Foi preparado um inóculo bacteriano ajustado à turbidez 0,5 da escala de McFarland, que foi semeado em placas contendo ágar Mueller–Hinton. Discos impregnados com antibióticos apropriados para cada grupo bacteriano identificado foram dispostos sobre a superfície do ágar, seguidos de incubação a 35 °C por 16 a 18 horas. Após a incubação, o crescimento bacteriano foi avaliado, os diâmetros dos halos de inibição foram mensurados e os perfis de suscetibilidade foram determinados.

Para os isolados identificados por MALDI-TOF como *Ochrobactrum intermedium* e *Shewanella algae*, as análises foram realizadas por meio do sistema VITEK 2, uma vez que não havia ponto de corte estabelecido para o método de difusão em disco. Foram avaliados os seguintes antibióticos: meropenem, ertapenem, aztreonam, amicacina, ciprofloxacino, gentamicina e tigeciclina, com interpretação baseada na 35ª edição da tabela do Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI).

Também foi realizado o Drop-Test, no qual foram adicionados 10 µL de solução de polimixina B na concentração de 16 µg/mL, a fim de avaliar a resistência à polimixina B (PEREZ *et al.*, 2020).

Índice de Resistência a Múltiplos Antibióticos (MAR)

O cálculo é interpretado segundo Krumperman (1983) podendo ser realizado através de uma simples equação de a/b em que a representa o número de antibióticos os quais os isolados apresentaram resistência, enquanto b o total de antibióticos testados. Isolados com MAR ($>0,2$) possuem origem de uma fonte de alto risco de contaminantes, já isolados com MAR ($\leq 0,2$) indicam a origem em locais com pouco fonte de antibióticos.

Extração de ácido desoxirribonucleico (DNA)

Para a extração de DNA, uma suspensão de colônias bacterianas em água destilada estéril foi submetida a tratamento ultrassônico em três ciclos de 30 segundos cada. Em seguida, as amostras foram centrifugadas a 13.000 rpm por 2 minutos, e o DNA foi obtido a partir do sobrenadante (RIBEIRO *et al.*, 2016).

Deteção molecular de genes de resistência a antibióticos

A Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) foi realizada para a triagem dos seguintes genes de resistência: genes de β -lactamases (*bla*_{CTX-M}, *bla*_{TEM} e *bla*_{SHV}); genes de resistência a aminoglicosídeos (*aac*(6')-Ib); e genes de resistência a quinolonas (*qnrA*, *qnrB* e *qnrS*). Também foram pesquisados genes de resistência associados à produção de carbapenemases: *bla*_{KPC}, *bla*_{NDM}, *bla*_{IMP}, *bla*_{VIM}, *bla*_{SPM} e *bla*_{OXA-48}.

Os produtos de PCR (amplicons) foram submetidos à eletroforese em gel de agarose a 1,5%, corado com GelRed® (Biotium), sob condições de 120 V e 500 mA por 60 minutos, em cuba de eletroforese horizontal contendo tampão TBE 1×. Após a corrida eletroforética, os géis foram retirados da cuba, posicionados em um transiluminador UV e fotografados.

Quadro 1. Oligonucleotídeos e condições para cada gene pesquisado a partir da técnica de PCR.

Gene	Sequência	Tamanho do fragmento	Tempo de anelamento	Fonte
<i>qnrA</i>	F: 5' – AGA GGA TTT CTC ACG CCA GG – 3' R: 5' – TGC CAG GCA CAG ATC TTG AC – 3'	580-pb	95°C for 10 min, 25 cycles of 95°C for 45 s, 58°C for 45 s, and 72°C for 15 s, and a final extension at 72°C for 3 min.	Kraychete <i>et Al.</i> ,2016
<i>qnrB</i>	F: 5' – GGM ATH GAA ATT CGC CAC TG – 3' R: 5' – TTT GCY GYY CGC CAG TCG AA – 3'	264-pb		
<i>qnrS</i>	F: 5' – GCA AGT TCA TTG AAC AGG GT – 3' R: 5' – TCT AAA CCG TCG AGT TCG GCG – 3'	428-pb		
<i>bla_{CTX-M}</i>	F: 5' – TTTGCGATGTGCAGTACCAGTAA – 3' R: 5' – CGATATCGTTGGTGGTGCCATA – 3'	544-pb	94°C - 2 min - 35 cycles 95°C - 20 s, 51°C - 30 s, 72°C - 30s, 3min - 72°C	Edelstein <i>et Al.</i> ,2003
<i>bla_{TEM}</i>	F: 5' – ATAAAATTCTTGAAGACGAAA – 3' R: 5' – GACAGTTACCAATGCTTAATC – 3'	1080-pb	94 °C, 5 min; 35 cycles of 94 °C, 1 min, 50 °C, 1 min, 72 °C, 1 min	Reich <i>et Al.</i> , 2013
<i>bla_{SHV}</i>	F: 5' – GGG ou TTATTCTTATTTGTCGC – 3' R: 5' – TTAGCGTTGCCAGTGCTC – 3'	928-pb	94 °C, 5 min; 35 cycles of 94 °C, 1 min, 56 °C, 1 min, 72 °C, 1 min	
<i>bla_{IMP}</i>	F: 5' – GGAATAGAGTGGCTTAAYTCTC – 3'	232-pb	52°C	

	R: 5' – GGTTTAAAYAAAACAACCACC – 3'			Poirel, <i>et al.</i> , 2011
<i>bla_{VIM}</i>	F: 5' – GATGGTGTGTTGGTCGCATA – 3' R: 5' – CGAATGCGCAGCACCAG – 3'	390-pb		
<i>bla_{SPM}</i>	F: 5' – AAAATCTGGGTACGCAAACG – 3' R: 5' – ACATTATCCGCTGGAACAGG – 3'	271-pb		
<i>bla_{KPC}</i>	F: 5' – TGTCACTGTATCGCCGTC – 3' R: 5' – CTCAGTGCTCTACAGAAAACC – 3'	900-pb	60°C	Doyle, <i>et al.</i> , 2012
<i>bla_{OXA-48}</i>	F: 5' – GCGTGGTTAAGGATGAACAC – 3' R: 5' – CATCAAGTTCAACCCAACCG – 3'	438-pb		
<i>bla_{NDM}</i>	F: 5' – GCAGCTTGTCGGCCATGCGGGC – 3' R: 5' – GGTCGCGAAGCTGAGCACCGCAT – 3'	782-pb		
<i>aac(6')-Ib</i>	F: 5' – TTGCGATGCTCTATGAGTGGCTA – 3' R: 5' – CTCGAATGCCTGGCGTGTTT – 3'	482-pb	94 °C for 45 s, 55 °C for 45 s, and 72 °C for 45 s for 34 cycles	Szabó, <i>et al.</i> , 2018

Fonte: Desenvolvido pela autora, 2026.

Legenda: pb = pares de base;

Análise estatística

Os dados foram analisados descritivamente. Foram calculadas as frequências absolutas e relativas para os táxons bacterianos, fenótipos de resistência, valores do índice MAR e genes de resistência.

RESULTADOS

Amostras foram coletadas em 15 fêmeas de tartarugas-de-pente (*E. imbricata*) fêmeas em nidificação. Foram obtidos três *swabs* da cloacais e da superfície do ovo por indivíduo para maximizar a recuperação bacteriana. Dessas amostras, 39 isolados bacterianos foram recuperados após cultura seletiva com meropenem e a ceftriaxona, incluindo 26 isolados da cloaca (66,6%) e 13(33,3%) isolados da casca do ovo. Durante o período do estudo, cinco fêmeas (33,3%) retornaram para um evento de nidificação subsequente aproximadamente 15 dias após a coleta inicial, permitindo coletas adicionais.

De um total de 15 animais, 13 (86,66%) apresentaram crescimento bacteriano. Cinco fêmeas retornaram para nova amostragem: nº 01, 03, 08, 09 e 12. Entretanto, a fêmea nº 08 não apresentou crescimento bacteriano em nenhuma das coletas. Além disso, as fêmeas nº 01 e nº 03 foram as únicas que apresentaram crescimento em ambos os eventos de amostragem, enquanto a fêmea nº 09 apresentou crescimento apenas no retorno e a fêmea nº 12 apenas na primeira coleta.

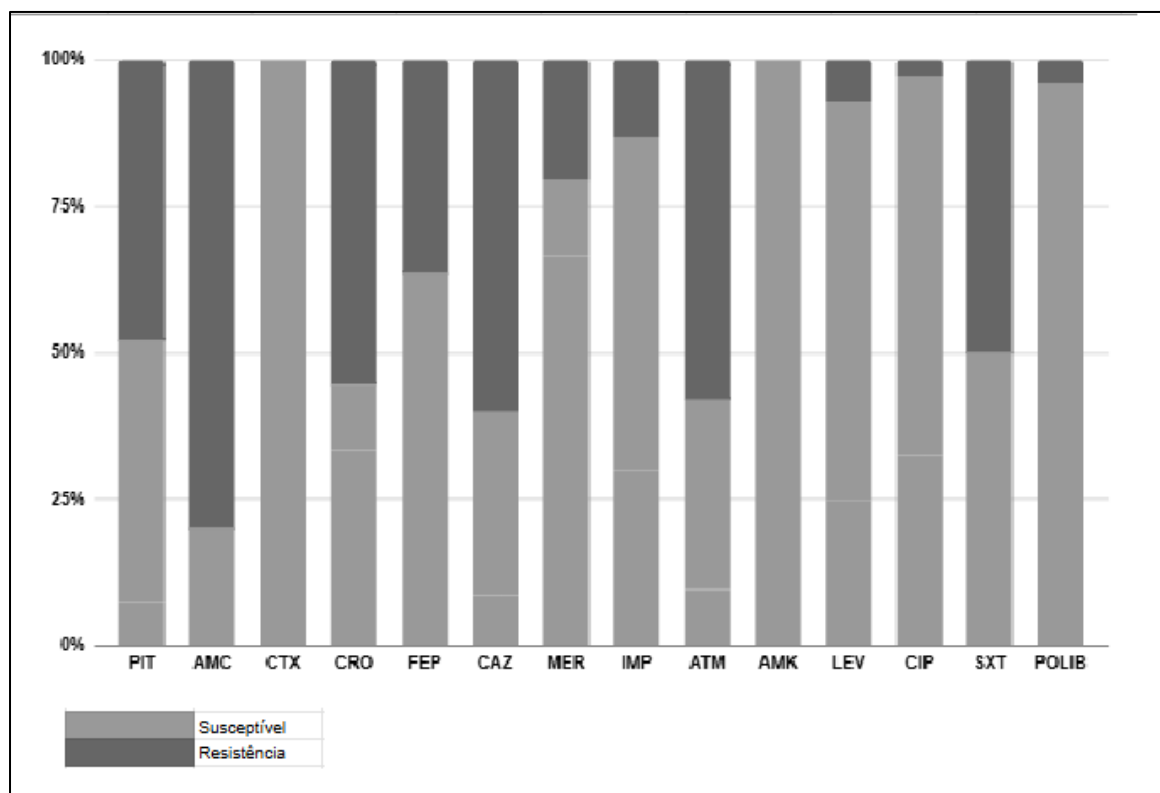
Com base em testes bioquímicos convencionais e na identificação por MALDI-TOF MS, dezesseis táxons bacterianos foram identificados entre os 39 isolados. O grupo mais frequente foi *Pseudomonas* spp. (19/39; 48,7%), seguido por *Enterobacter hormaechei* (5/39; 12,8%), *Acinetobacter* spp. (4/39; 10,2%), *Ochrobactrum intermedium* (4/39; 10,2%), *Shewanella algae* (3/39; 7,6%), *Klebsiella* spp. (2/39; 5,1%), *Achromobacter mucicolens* (1/39; 2,5%) e *Stenotrophomonas maltophilia* (1/39; 2,5%). Dentro do gênero *Pseudomonas*, seis espécies foram identificadas, incluindo *Pseudomonas aeruginosa* (30,7% de todos os isolados), *P. guariconensis*, *P. putida*, *P. stutzeri*, *P. fulva* e *P. monteilii*. Os isolados de *Acinetobacter* incluíram *A. junii*, *A. pittii*, *A. lactucae* e *A. baumannii*.

A distribuição dos isolados variou de acordo com o local de amostragem e o antibiótico utilizado na seleção. Considerando as amostragens iniciais e de retorno, as fêmeas 1 (12,8%), 7 (12,8%), 2 (7,6%), 3 (7,6%) e 5 (7,6%) apresentaram o maior número de isolados resistentes. No primeiro evento de amostragem, foram recuperados 33 isolados resistentes, predominantemente de amostras cloacais selecionadas com ceftriaxona (35,8%) e meropenem (28,2%). As amostras da casca do ovo apresentaram menos isolados, com 12,8% recuperados sob seleção com ceftriaxona e 15,3% sob seleção com meropenem.

Durante as amostragens de retorno, as amostras cloacais selecionadas com ceftriaxona e meropenem, bem como as amostras de casca do ovo selecionadas com ceftriaxona, produziram dois isolados cada, enquanto nenhum crescimento foi observado nas amostras de casca do ovo sob seleção com meropenem.

O teste de susceptibilidade antimicrobiana revelou altas taxas de resistência aos antibióticos β -lactâmicos, particularmente amoxicilina-ácido clavulânico (80,0%), ceftriaxona (55,0%), ceftazidima (58,3%), ertapenem (71,4%) e aztreonam (56,2%). Em contraste, foi observada alta susceptibilidade à cefotaxima (100%), meropenem (78,8%), aminoglicosídeos, tetraciclina e polimixina B (96,2%). Apenas um isolado, *Pseudomonas monteilii* da fêmea 12, apresentou resistência à polimixina B. Perfis de susceptibilidade intermediária foram frequentemente observados para cefepime, imipenem, levofloxacina e ciprofloxacina.

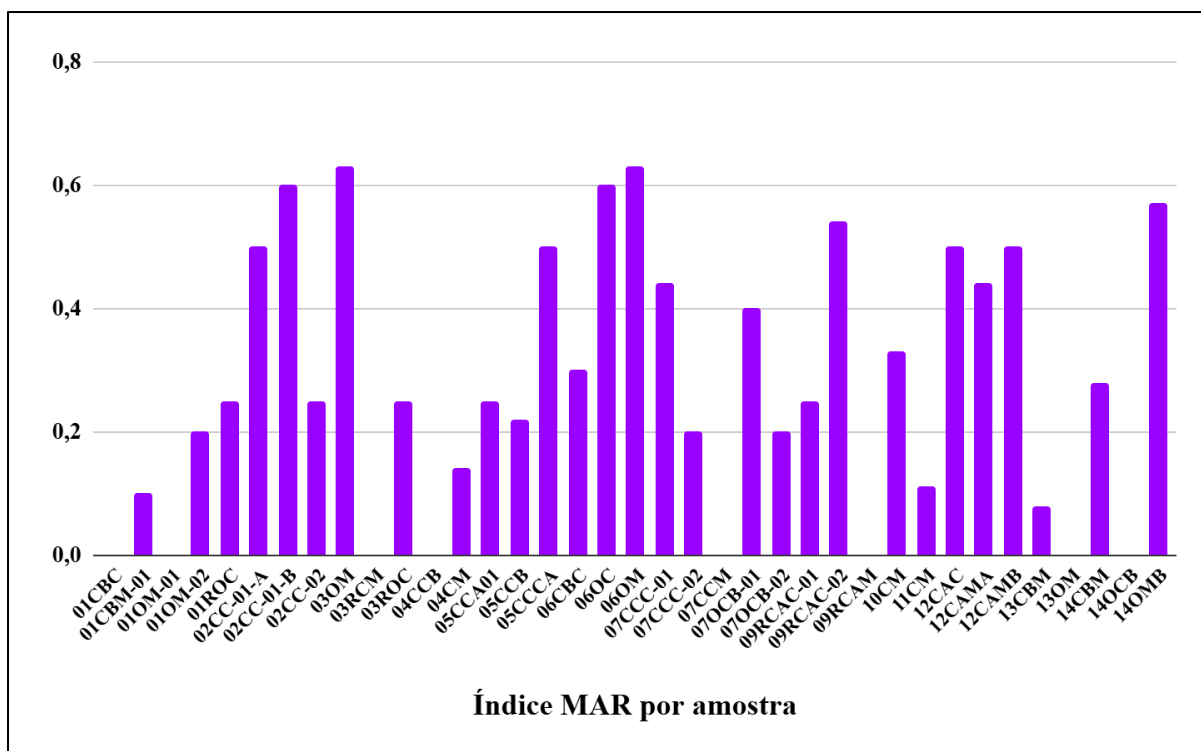
Figura 3. Porcentagem de resistência e suscetibilidade antimicrobiana total.



Fonte: Desenvolvido pela autora, 2026.

O índice de resistência múltipla a antibióticos (MAR) indicou valores elevados ($>0,2$) em vários isolados, sugerindo exposição a ambientes sob significativa pressão seletiva de antimicrobianos.

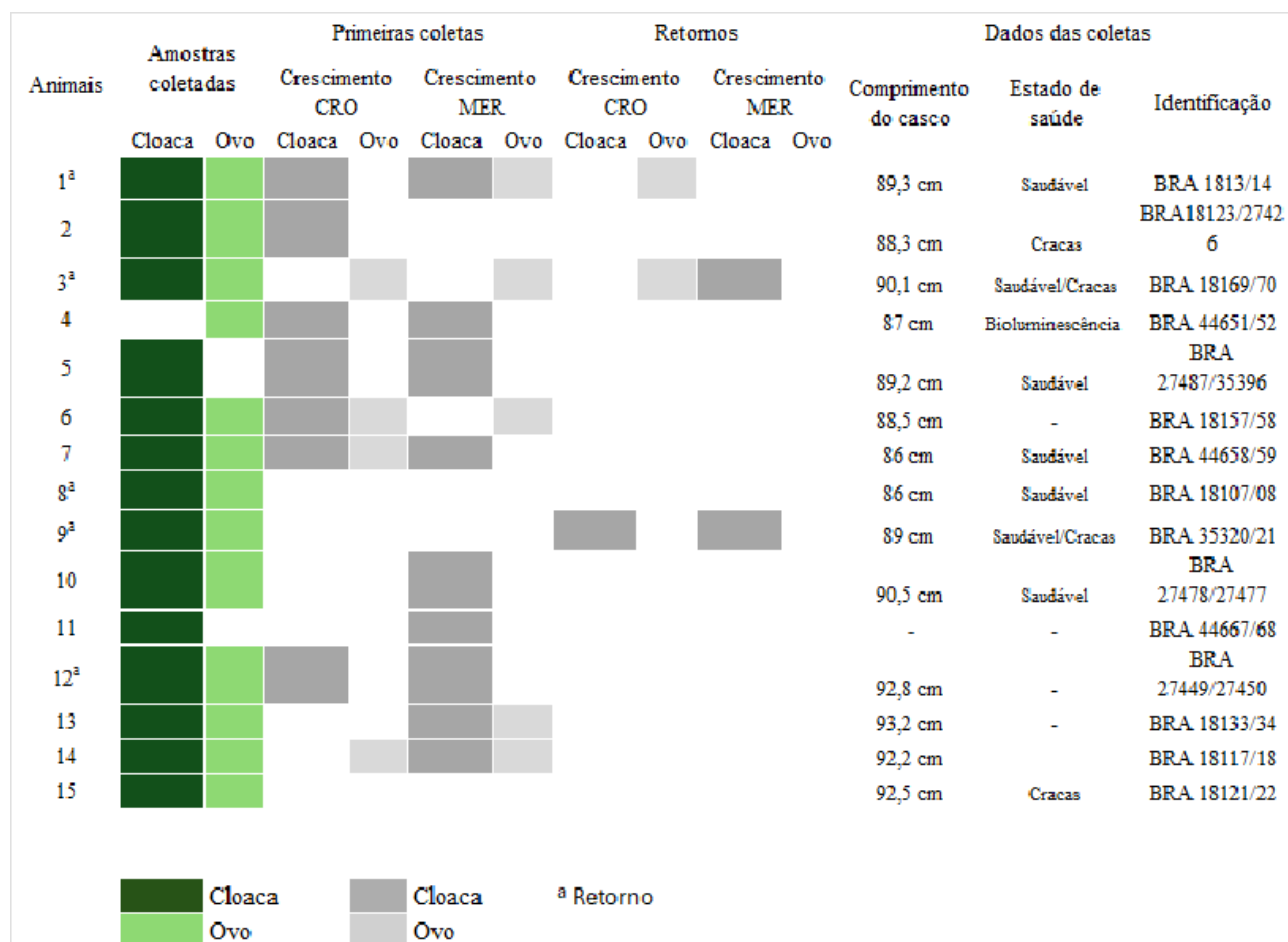
Figura 4. Tabela sobre o índice de MAR das 39 amostras.



Fonte: Desenvolvido pela autora, 2026.

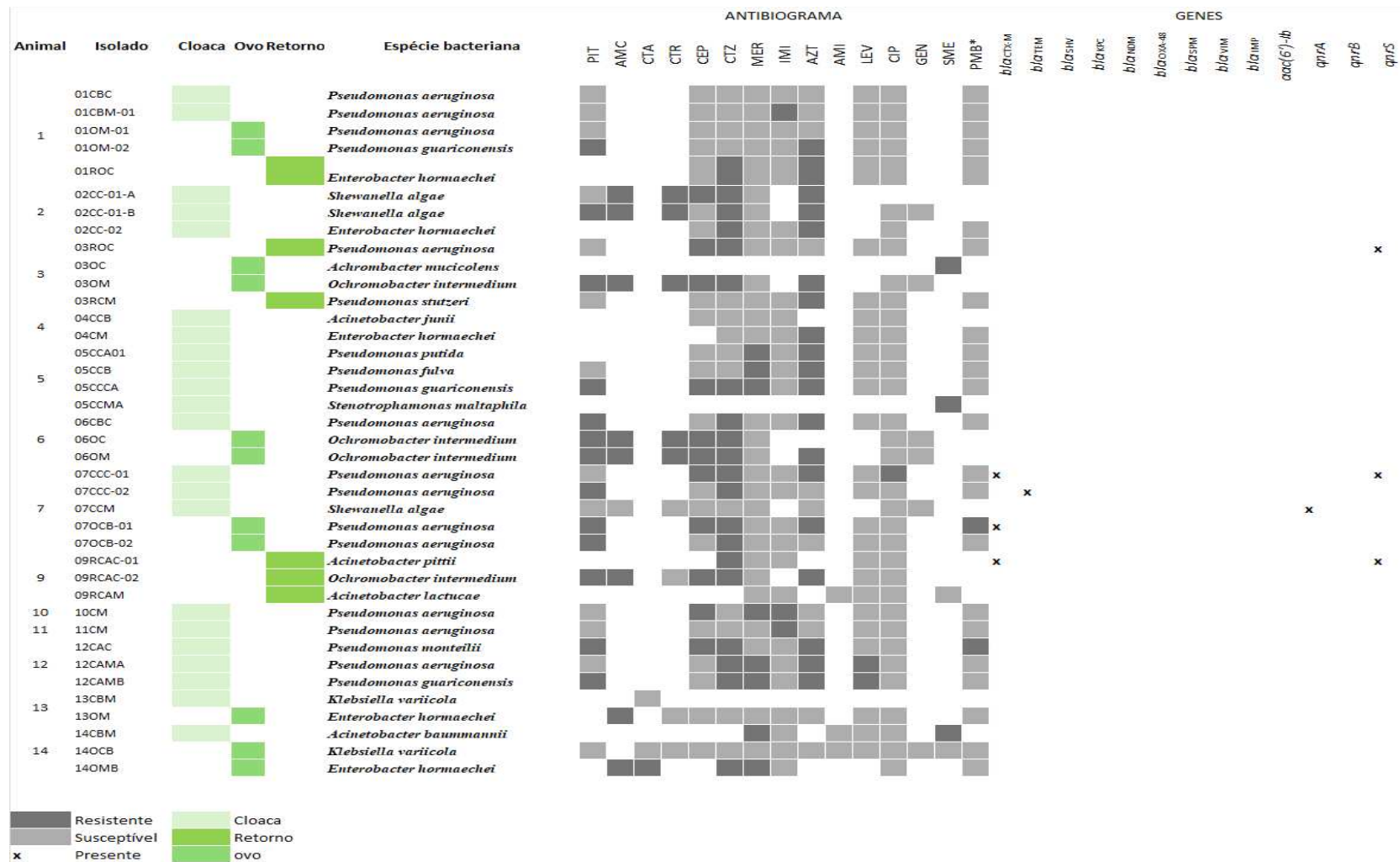
A triagem molecular para determinantes de resistência teve como alvo 13 genes. Quatro genes (30,7%) foram detectados entre os isolados: *bla*_{CTX-M} (7,3%), *bla*_{TEM} (2,4%), *qnrS* (7,3%) e *qnrA* (2,4%). Dois isolados (07CCC-01 e 09RCAC-01) apresentaram mais de um gene de resistência (*bla*_{CTX-M} e *qnrS*). A detecção de genes de resistência em isolados obtidos durante as amostragens de retorno foi um achado relevante. A fêmea 9, que não apresentou isolados resistentes na amostragem inicial, produziu um isolado positivo para gene de resistência no retorno, enquanto a fêmea 3 apresentou fenótipos de resistência em ambas as amostragens, porém apenas o isolado do retorno foi positivo para genes de resistência por PCR.

Em conjunto, os achados evidenciam a ocorrência de bactérias Gram-negativas com perfil de multirresistência e a presença de genes de resistência antimicrobiana em amostras cloacais e da superfície da casca dos ovos de *E. imbricata* durante a nidificação, reforçando o papel das tartarugas marinhas como reservatórios ambientais e sentinelas da resistência antimicrobiana dentro do contexto de Uma Só Saúde (One Health).

Figura 5. Heatmap com as informações das fêmeas.

Fonte: Desenvolvido pela autora, 2026.

Figure 6. Heatmap com as informações sobre os isolados.



Fonte: Desenvolvido pela autora, 2026.

DISCUSSÃO

No presente estudo, foram identificados 39 isolados provenientes da cloaca e da superfície dos ovos de 15 fêmeas nidificantes de tartaruga-de-pente (*E.imbricata*), incluindo microrganismos de importância para a saúde humana e veterinária. Entre as espécies isoladas destaca-se *Pseudomonas* spp. Esse gênero é ubíquo em ambientes aquáticos e inclui patógenos oportunistas frequentemente associados a infecções respiratórias, oculares e tegumentares, infecções em ovos (saculite vitelínica) e lesões traumáticas em tartarugas marinhas, conforme previamente relatado (EBANI, 2023; ESPOSITO et al., 2024).

Membros da ordem *Enterobacterales*, como *E. hormaechei*, *S. algae* e *Klebsiella* spp., também foram detectados, corroborando achados de outros estudos envolvendo diferentes espécies de tartarugas marinhas, incluindo a tartaruga-cabeçuda (*Caretta caretta*) e a tartaruga-verde (*Chelonia mydas*), tanto em populações de vida livre quanto em indivíduos resgatados ou em reabilitação. Além disso, o isolamento de bactérias ambientais como *O. intermedium*, *A. mucicolens* e *S. maltophilia* é relevante, uma vez que esses patógenos oportunistas têm sido associados a infecções graves em humanos, especialmente em indivíduos imunocomprometidos, e frequentemente apresentam fenótipos multirresistentes, representando assim uma preocupação significativa dentro da abordagem Uma Só Saúde (One Health) (CHUEN-IN et al., 2021; KASSAB et al., 2021; AL-ASADI et al., 2024; ESPOSITO et al., 2024; SAID; TIRTHANI; LESHIO, 2025).

Por outro lado, a detecção de *S. algae*, uma bactéria amplamente distribuída em ambientes aquáticos e estuarinos e considerada uma das espécies mais virulentas dentro de seu gênero, é relevante devido à sua capacidade de causar infecções oportunistas em animais e infecções graves em humanos (BLASI et al., 2020; ESPOSITO et al., 2024; BACHMANN et al., 2025). A presença dessas espécies reforça a interconexão entre ambiente marinho, fauna silvestre e saúde humana na dinâmica de disseminação da resistência antimicrobiana (GAUTHIER, 2015; FERRARO et al., 2024).

O reconhecimento dessas espécies bacterianas pode estar associado também ao microbioma natural desses animais, dado que a comunidade bacteriana compõe cerca de 90% a 99% de todo microbioma intestinal em tartarugas marinhas de cativeiro e selvagens encalhadas, desta forma apresentando grupos como *Pseudomonadaceae*, *Shewanellaceae*, *Enterobacterales* como exemplos; a prevalência maior ou menor de algum desses grupos pode estar relacionados a enfermidades nesses animais, ou seja, associado a uma imunidade afetada (GHAFOOR et al., 2025).

A recuperação de 33 isolados resistentes durante a primeira coleta de amostras, pode refletir a exposição cumulativa prévia a bactérias resistentes e/ou determinantes de resistência ao longo da vida das tartarugas.

As fêmeas chegam às praias de desova provenientes de áreas de alimentação, como recifes de coral, onde podem estar expostas a comunidades microbianas complexas e contaminantes ambientais. A observação de isolados resistentes em coletas de retorno, incluindo casos nos quais a resistência não foi detectada na primeira coleta, indica exposição adicional durante o período de nidificação, potencialmente associada ao escoamento costeiro, à poluição das praias ou ao contato com indivíduos da mesma espécie e outras espécies marinhas durante a reprodução (MARCOVALDI *et al.*, 2011; BLASI *et al.*, 2020; MONDRAGÓN *et al.*, 2023).

A maioria dos isolados resistentes foi recuperada de amostras cloacais sob seleção com ceftriaxona e meropenem. Esse achado é consistente com a anatomia e a fisiologia da cloaca, uma abertura comum aos sistemas digestório e urogenital, que fica exposta a fezes, urina, produtos reprodutivos e contaminantes ambientais. Essa interface mucosa é, portanto, particularmente suscetível à colonização microbiana e a pressões seletivas, que podem ser ainda mais influenciadas pelo estresse fisiológico durante a nidificação (WYNEKEN, 2004; KUSCHKE, 2022). A maior resistência associada à ceftriaxona em comparação com o meropenem sugere maior pressão seletiva sobre cefalosporinas de terceira geração, enquanto carbapenêmicos como o meropenem permanecem menos amplamente utilizados e, portanto, exercem menor pressão seletiva ambiental (SILVA *et al.*, 2022).

As fluoroquinolonas estão entre as classes antimicrobianas mais frequentemente utilizadas no tratamento de infecções em tartarugas marinhas resgatadas e em reabilitação, devido às suas propriedades farmacocinéticas favoráveis, incluindo alta biodisponibilidade, boa penetração tecidual, amplo espectro de atividade e eficácia contra *Mycoplasma* spp. (WANMAD *et al.*, 2022). Nesse contexto, a alta suscetibilidade observada à ciprofloxacina e levofloxacina no presente estudo é um achado relevante, indicando que esses agentes podem permanecer como boas opções terapêuticas eficazes para infecções bacterianas em tartarugas marinhas.

Estudos anteriores relataram elevada resistência a antibióticos β -lactâmicos, particularmente amoxicilina-ácido clavulânico e ceftazidima, em tartarugas marinhas resgatadas, como a tartaruga-cabeçuda e a tartaruga-de-couro. Padrões de resistência semelhantes foram observados no presente estudo, reforçando a noção de que a resistência a β -lactâmicos é amplamente disseminada entre bactérias associadas a tartarugas marinhas e

provavelmente reflete a disseminação ambiental de mecanismos de resistência (BACHMANN *et al.*, 2025).

A análise do índice MAR (Multiple Antibiotic Resistance) revelou valores acima de 0,2 em vários isolados, indicando exposição a ambientes com contaminação significativa por antimicrobianos. Tais perfis sugerem opções terapêuticas limitadas e reforçam o papel das tartarugas marinhas como sentinelas da pressão antimicrobiana ambiental (TSAI *et al.*, 2024).

A contaminação de tartarugas marinhas não se limita aos antimicrobianos, mas também envolve metais pesados, hidrocarbonetos policíclicos aromáticos, pesticidas organoclorados e detritos plásticos, que já foram detectados em sangue, ovos, fezes e tecidos. A exposição pode ocorrer por contato ambiental, dieta ou transferência parental, e esses contaminantes podem co-selecionar resistência antimicrobiana (KUSCHKE, 2022; VECCHIONI *et al.*, 2022; BARRAZA *et al.*, 2023; FERRARO *et al.*, 2024; SAMARA *et al.*, 2026).

A detecção de genes de resistência antimicrobiana levanta preocupações adicionais. A presença de genes associados a ESBL, como *bla*_{CTX-M} e *bla*_{TEM}, bem como genes de resistência a quinolonas mediados por plasmídeos (*qnrA* e *qnrS*), incluindo coocorrência no mesmo isolado, indica um potencial mais amplo de resistência abrangendo múltiplas classes antimicrobianas (CHEN *et al.*, 2022). Genes como os encontrados no estudo são importantes achados pois codificam enzimas beta-lactâmicas, conferindo resistência a antibióticos importante e rotineiramente usados nos tratamentos das infecções em humanos, como as penicilinas e cefalosporinas, sendo que o *bla*_{TEM} é um dos genes mais frequentes encontrados em amostras marinhas tanto da água como nos organismos (FERRARO, *et al.*, 2024)

Embora outros genes ESBL e genes de carbapenemases não tenham sido detectados, sua ausência não exclui aquisição futura, considerando a alta mobilidade e capacidade de disseminação desses elementos genéticos (TROTТА *et al.*, 2021; TSENG *et al.*, 2023; HUSNA *et al.*, 2023; ESPOSITO *et al.*, 2024).

De modo geral, a identificação de bactérias multirresistentes e genes de resistência clinicamente relevantes em amostras cloacais e da casca de ovos de fêmeas nidificantes de *E. imbricata* ao longo da costa do Rio Grande do Norte destaca as consequências do uso extensivo de antimicrobianos na medicina humana e veterinária. O controle inadequado do acesso a antimicrobianos e o descarte de efluentes não tratados, particularmente provenientes de hospitais e atividades agrícolas, podem acabar impactando os ecossistemas marinhos. Esses achados sugerem possível influência de fontes antrópicas de contaminação sobre os ecossistemas costeiros, hipótese que deve ser investigada em estudos futuros com amostras

ambientais e reforçam a necessidade de estratégias integradas de vigilância e mitigação da resistência antimicrobiana dentro da abordagem Uma Só Saúde (One Health).

Um aspecto relevante do presente estudo foi a detecção de genes de resistência em isolados recuperados durante eventos de retorno de nidificação, sugerindo persistência ou nova aquisição de determinantes de resistência ao longo do período reprodutivo.

CONCLUSÃO

Este estudo demonstrou a ocorrência de bactérias Gram-negativas multirresistentes e genes de resistência antimicrobiana em amostras cloacais e da superfície da casca de ovos de tartarugas-de-pente (*Eretmochelys imbricata*) em fase de nidificação no litoral do Rio Grande do Norte, Brasil. A detecção dos genes *bla*_{CTX-M}, *bla*_{TEM}, *qnrA* e *qnrS* corrobora a circulação de determinantes de resistência clinicamente relevantes em ambientes marinhos costeiros. Esses achados reforçam o potencial da *E. imbricata* como espécie sentinela para resistência antimicrobiana ambiental e destacam a importância da integração da fauna silvestre em estratégias de vigilância da abordagem "One Health". Estudos futuros, incluindo amostragem ambiental e abordagens moleculares mais abrangentes, são necessários para melhor elucidar a origem e as vias de disseminação desses microrganismos.

Financiamento

Este estudo foi financiado pelo Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) (Processo nº 88887.134492/2025-00), por meio de bolsa de mestrado concedida ao Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal (PPGCA-UFERSA).

Conflito de interesses

Os autores declaram não haver conflito de interesses.

Aprovação ética

Sob as seguintes licenças ambientais: TAMAR/ICMBio/MMA nº 64308 e CTF/AIDA nº 6476138 e 6640946.

Declaração de Disponibilidade de Dados

Os dados que sustentam as conclusões deste estudo estão disponíveis mediante solicitação razoável ao autor correspondente.

REFERÊNCIAS

AL-ASADI, Sura Ali *et al.* Unraveling antibiotic resistance in *Achromobacter mucicolens* IA strain: genomic insights, structural analysis, and prospects for targeted therapeutics. *Microbiology Spectrum*, [S.L.], v. 12, n. 12, p. 1, 5 dez. 2024. American Society for Microbiology. <http://dx.doi.org/10.1128/spectrum.03926-23>.

AL-BAHRY, Saif N. *et al.* Antibiotic resistant bacteria as bio-indicator of polluted effluent in the green turtles, *Chelonia mydas* in Oman. *Marine Environmental Research*, [S.L.], v. 71, n. 2, p. 139-144, mar. 2011. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.marenvres.2010.12.005>.

ALDUINA, Rosa *et al.* Is *Caretta caretta* a Carrier of Antibiotic Resistance in the Mediterranean Sea? *Antibiotics*, [S.L.], v. 9, n. 3, p. 116, 10 mar. 2020. MDPI AG. <http://dx.doi.org/10.3390/antibiotics9030116>.

ANDRÉS, Eva de *et al.* Persistent organic pollutant levels in eggs of leatherback turtles (*Dermochelys coriacea*) point to a decrease in hatching success. *Chemosphere*, [S.L.], v. 146, p. 1-361, mar. 2016. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.chemosphere.2015.12.021>.

BACHMANN, Vanessa M. *et al.* Wild sea turtles as bioindicators of antibiotic exposure in the levantine basin. *Total Environment Microbiology*, [S.L.], v. 1, n. 3, p. 100023, set. 2025. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.temicr.2025.100023>.

BAPTISTOTTE, Cecília *et al.* **Biologia reprodutiva e conservação da tartaruga-de-pente (*Eretmochelys imbricata*) no Brasil.** In: CONGRESSO BRASILEIRO DE HERPETOLOGIA, 1999. Anais [...].

BARRAZA, Arthur D. *et al.* Understanding contaminant exposure risks in nesting Loggerhead sea turtle populations. *Marine Pollution Bulletin*, [S.L.], v. 196, p. 115605, nov. 2023. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.marpolbul.2023.115605>.

BEZERRA, Moises F. *et al.* Trophic ecology of sympatric sea turtles in the tropical Atlantic coast of Brazil. *Marine Environmental Research*, [S.L.], v. 196, p. 106406, abr. 2024. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.marenvres.2024.106406>.

BLASI, Monica Francesca *et al.* Antibiotic Resistance of Gram-Negative Bacteria from Wild Captured Loggerhead Sea Turtles. *Antibiotics*, [S.L.], v. 9, n. 4, p. 162, 6 abr. 2020. MDPI AG. <http://dx.doi.org/10.3390/antibiotics9040162>.

BRASIL. Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade (ICMBio). **Manual de técnicas e procedimentos para pesquisa, conservação e monitoramento de tartarugas marinhas em áreas de reprodução**. Brasília: ICMBio, 2023.

CAMILLO, C.S., ROMERO, R. M., LEONE, L. G., BATISTA, R.L.G., VELOZO, R.S. & NOGUEIRA-FILHO, S.L.G. Reproduction of sea turtles (Testudines, Cheloniidae) in the Southern Coast of Bahia, Brazil. *Biota Neotrop.*, 9(2): <http://www.biotaneotropica.org.br/v9n2/en/abstract?article+bn02209022009>.

CHEN, Yuan *et al.* Metagenomic comparison of gut communities between hawksbills (*Eretmochelys imbricata*) and green sea turtles (*Chelonia mydas*). *Archives Of Microbiology*, [S.L.], v. 204, n. 8, p. 1, 3 jul. 2022. Springer Science and Business Media LLC. <http://dx.doi.org/10.1007/s00203-022-03073-8>.

DIAS, Vera Helena Vidal *et al.* A systematic review of the impact of chemical pollution on sea turtles: insights from biomarkers of aquatic contamination. *Journal Of Hazardous Materials*, [S.L.], v. 480, p. 135813, dez. 2024. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.jhazmat.2024.135813>.

Doyle D, Peirano G, Lascols C, Lloyd T, Church DL, Pitout JD. Laboratory detection of Enterobacteriaceae that produce carbapenemases. *J Clin Microbiol.* 2012 Dec;50(12):3877-80. doi: 10.1128/JCM.02117-12. Epub 2012 Sep 19. PMID: 22993175; PMCID: PMC3503014.

EBANI, Valentina Virginia. Bacterial Infections in Sea Turtles. *Veterinary Sciences*, [S.L.], v. 10, n. 5, p. 333, 6 maio 2023. MDPI AG. <http://dx.doi.org/10.3390/vetsci10050333>.

Edelstein M, Pimkin M, Palagin I, Edelstein I, Stratchounski L. Prevalence and molecular epidemiology of CTX-M extended-spectrum beta-lactamase-producing *Escherichia coli* and *Klebsiella pneumoniae* in Russian hospitals. *Antimicrob Agents Chemother.* 2003 Dec;47(12):3724-32. doi: 10.1128/AAC.47.12.3724-3732.2003. PMID: 14638473; PMCID: PMC296190.

EQUIPE DO CENTRO TAMAR/ICMBio. *Manual de técnicas e procedimentos para pesquisa, conservação e monitoramento de tartarugas marinhas em áreas de reprodução*. [S.l.]: Centro TAMAR/ICMBio, maio 2023. 46 p.

ESPOSITO, Emanuele *et al.* Antibiotic Resistance of Bacteria Isolated from Clinical Samples and Organs of Rescued Loggerhead Sea Turtles (*Caretta caretta*) in Southern Italy. *Animals*, [S.L.], v. 14, n. 14, p. 2103, 18 jul. 2024. MDPI AG. <http://dx.doi.org/10.3390/ani14142103>.

ESPOSITO, Mauro *et al.* Non-essential toxic element (Cd, As, Hg and Pb) levels in muscle, liver and kidney of loggerhead sea turtles (*Caretta caretta*) stranded along the southwestern coasts of Tyrrhenian sea. *Comparative Biochemistry And Physiology Part C: Toxicology & Pharmacology*, [S.L.], v. 231, p. 108725, maio 2020. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.cbpc.2020.108725>.

FERRARO, G. Bonanno *et al.* Global quantification and distribution of antibiotic resistance genes in oceans and seas: anthropogenic impacts and regional variability. *Science Of The Total Environment*, [S.L.], v. 955, p. 176765, dez. 2024. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.scitotenv.2024.176765>.

GALES, Ana C. *et al.* Comparação das atividades antimicrobianas de meropenem e imipenem/cilastatina: o laboratório necessita testar rotineiramente os dois antimicrobianos?. *Jornal Brasileiro de Patologia e Medicina Laboratorial*, [S.L.], v. 38, n. 1, p. 13-20, jan. 2002. FapUNIFESP (SciELO). <http://dx.doi.org/10.1590/s1676-24442002000100004>.

GAMBINO, Delia *et al.* Occurrence of Antibiotic Resistance in the Mediterranean Sea. *Antibiotics*, [S.L.], v. 11, n. 3, p. 332, 3 mar. 2022. MDPI AG. <http://dx.doi.org/10.3390/antibiotics11030332>.

GARCES, A.; PIRES, I. Bad Waters: Antibiotic Resistance Bacteria in Sea Turtles: . *Journal of Fisheries and Environment*, Bangkok, Thailand, v. 47, n. 3, p. 27–39, 2023. Disponível em: <https://li01.tci-thaijo.org/index.php/JFE/article/view/258774>. Acesso em: 24 jan. 2026.

GHAFOOR, Dawood *et al.* Characterisation of the gut microbiome and surveillance of antibiotic resistance genes in green sea turtles (*Chelonia mydas*). **Marine Environmental Research**, [S.L.], v. 212, p. 107605, nov. 2025. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.marenvres.2025.107605>.

GAUTHIER, David T. *et al.* Bacterial zoonoses of fishes: a review and appraisal of evidence for linkages between fish and human infections. **The Veterinary Journal**, [S.L.], v. 203, n. 1, p. 27-35, jan. 2015. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.tvjl.2014.10.028>.

HEN, Yuru *et al.* A systematic review of sources, occurrence, behavior and risks of global marine antibiotics. *Npj Emerging Contaminants*, [S.L.], v. 1, n. 1, p. 1, 3 nov. 2025. Springer Science and Business Media LLC. <http://dx.doi.org/10.1038/s44454-025-00015-z>.

HUSNA, Asmaul *et al.* Extended-Spectrum β -Lactamases (ESBL): challenges and opportunities. *Biomedicines*, [S.L.], v. 11, n. 11, p. 2937, 30 out. 2023. MDPI AG. <http://dx.doi.org/10.3390/biomedicines11112937>.

JORQUERA, Carla Baros *et al.* Antimicrobial resistance in wildlife and in the built environment in a wildlife rehabilitation center. **One Health**, [S.L.], v. 13, p. 100298, dez. 2021. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.onehlt.2021.100298>.

KASSAB, Ihab *et al.* A Case of *Ochrobactrum intermedium* Bacteremia Secondary to Cholangitis With a Literature Review. *Cureus*, [S.L.], p. 1, 23 abr. 2021. Springer Science and Business Media LLC. <http://dx.doi.org/10.7759/cureus.14648>.

Kraychete GB, Botelho LA, Campana EH, Picão RC, Bonelli RR. Updated Multiplex PCR for Detection of All Six Plasmid-Mediated qnr Gene Families. *Antimicrob Agents Chemother.* 2016 Nov 21;60(12):7524-7526. doi: 10.1128/AAC.01447-16. PMID: 27736767; PMCID: PMC5119042.

KUSCHKE, Samantha G.. What lives on and in the sea turtle? A literature review of sea turtle bacterial microbiota. *Animal Microbiome*, [S.L.], v. 4, n. 1, p. 1, 8 set. 2022. Springer Science and Business Media LLC. <http://dx.doi.org/10.1186/s42523-022-00202-y>.

LAI, Olimpia *et al.* Observed Prevalence and Characterization of Fluoroquinolone-Resistant and Multidrug-Resistant Bacteria in Loggerhead Sea Turtles (*Caretta caretta*) from the Adriatic Sea. *Antibiotics*, [S.L.], v. 14, n. 3, p. 252, 1 mar. 2025. MDPI AG. <http://dx.doi.org/10.3390/antibiotics14030252>.

MARANGI, Marianna *et al.* Dolphins and sea turtles may host zoonotic parasites and pathogenic bacteria as indicators of anthropic pressure in the Gulf of Taranto (Northern Ionian Sea, Central-Eastern Mediterranean Sea). *Veterinary Research Communications*, [S.L.], v. 46, n. 4, p. 1157-1166, 3 out. 2022. Springer Science and Business Media LLC. <http://dx.doi.org/10.1007/s11259-022-10011-y>.

MARCOVALDI, Maria Ângela *et al.* Avaliação do estado de conservação da tartaruga marinha *Eretmochelys imbricata* (Linnaeus, 1766) no Brasil. *Biodiversidade Brasileira*, [S.L.], v. 1, n. 1, p. 1, 13 mar. 2011. Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade - ICBBio. <http://dx.doi.org/10.37002/biodiversidadebrasileira.v1i1.88>.

MEDEIROS, Aline Weber. *Análise da comunidade bacteriana de animais marinhos recolhidos do litoral norte do Rio Grande do Sul*. 2016.

MENGISTU, Tilaye Shibbiru *et al.* Occurrence of multidrug resistant Gram-negative bacteria and resistance genes in semi-aquatic wildlife - *Trachemys scripta*, *Neovison vison* and *Lutra lutra* - as sentinels of environmental health. **Science Of The Total Environment**, [S.L.], v. 830, p. 154814, jul. 2022. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.scitotenv.2022.154814>.

MIN, Jihyeon *et al.* Zoo animal manure as an overlooked reservoir of antibiotic resistance genes and multidrug-resistant bacteria. **Environmental Science And Pollution Research**, [S.L.], v. 30, n. 1, p. 710-726, 29 jul. 2022. Springer Science and Business Media LLC. <http://dx.doi.org/10.1007/s11356-022-22279-3>.

MONDRAGÓN, Maribel Escobedo *et al.* Trophic behavior of inorganic elements in nesting sea turtles (*Chelonia mydas*, *Eretmochelys imbricata*, and *Caretta caretta*) in Quintana Roo: biomagnification and biodilution effect in blood and scute tissues. *Marine Pollution Bulletin*, [S.L.], v. 187, p. 114582, fev. 2023. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.marpolbul.2023.114582>

MONTERO, Natalie *et al.* Warmer and wetter conditions will reduce offspring production of hawksbill turtles in Brazil under climate change. *PLoS One*, v. 13, n. 11, p. e0204188, 2018.

MUÑOZ, Cynthia C. *et al.* Internal and Maternal Distribution of Persistent Organic Pollutants in Sea Turtle Tissues: a meta-analysis. *Environmental Science & Technology*, [S.L.], v. 55, n. 14, p. 10012-10024, 4 jul. 2021. American Chemical Society (ACS). <http://dx.doi.org/10.1021/acs.est.1c02845>.

MUÑOZ, Cynthia C. *et al.* Sea turtle egg yolk and albumen as biomonitoring matrices for maternal burdens of organic pollutants. *Marine Pollution Bulletin*, [S.L.], v. 194, p. 115280, set. 2023. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.marpolbul.2023.115280>.

NATIONAL OCEANIC AND ATMOSPHERIC ADMINISTRATION (NOAA). **Hawksbill turtle (*Eretmochelys imbricata*) – Biology and life history**. 2023.

NIU, Xin *et al.* Research on antibiotic resistance genes in wild and artificially bred green turtles (*Chelonia mydas*). *Science Of The Total Environment*, [S.L.], v. 954, p. 176716, dez. 2024. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.scitotenv.2024.176716>.

PATEL, Robin. MALDI-TOF MS for the Diagnosis of Infectious Diseases. **Clinical Chemistry**, [S.L.], v. 61, n. 1, p. 100-111, 1 jan. 2015. Oxford University Press (OUP). <http://dx.doi.org/10.1373/clinchem.2014.221770>.

PELLEGRINO, Flávia Lúcia Piffano Costa. UTILIZAÇÃO DA TÉCNICA DE MALDI-TOF MS NO DIAGNÓSTICO MICROBIOLÓGICO IDENTIFICAÇÃO BACTERIANA E DETECÇÃO DA RESISTÊNCIA AOS ANTIMICROBIANOS.: maldi-tof ms no diagnóstico microbiológico.. *Estudos e Escrita Científica Multidisciplinar em Ciências da Saúde*, [S.L.], p. 219-235, 2023. Editora Científica Digital. <http://dx.doi.org/10.37885/230813967>.

Pitout JD, Hossain A, Hanson ND. Phenotypic and molecular detection of CTX-M-beta-lactamases produced by *Escherichia coli* and *Klebsiella* spp. *J Clin Microbiol*. 2004 Dec;42(12):5715-21. doi: 10.1128/JCM.42.12.5715-5721.2004. PMID: 15583304; PMCID: PMC535227.

Poirel L, Walsh TR, Cuvillier V, Nordmann P. Multiplex PCR for detection of acquired carbapenemase genes. *Diagn Microbiol Infect Dis*. 2011 May;70(1):119-23. doi: 10.1016/j.diagmicrobio.2010.12.002. Epub 2011 Mar 12. PMID: 21398074.

Reich F, Atanassova V, Klein G. Extended-spectrum β -lactamase- and AmpC-producing enterobacteria in healthy broiler chickens, Germany. *Emerg Infect Dis*. 2013 Aug;19(8):1253-9. doi: 10.3201/eid1908.120879. PMID: 23876576; PMCID: PMC3739521.

RIBEIRO, Patricia Cristina Saldanha *et al.* Phenotypic and molecular detection of the blaKPC gene in clinical isolates from inpatients at hospitals in São Luis, MA, Brazil. *Bmc Infectious Diseases*, [S.L.], v. 16, n. 1, p. 1, dez. 2016. Springer Science and Business Media LLC. <http://dx.doi.org/10.1186/s12879-016-2072-3>.

Rivas ML, Rodríguez-Caballero E, Esteban N, Carpio AJ, Barrera-Vilarmau B, Fuentes MMPB, Robertson K, Azanza J, León Y, Ortega Z. Uncertain future for global sea turtle populations in face of sea level rise. *Sci Rep.* 2023 Apr 20;13(1):5277. doi: 10.1038/s41598-023-31467-1. Erratum in: *Sci Rep.* 2023 Jun 7;13(1):9266. doi: 10.1038/s41598-023-36350-7. PMID: 37081050; PMCID: PMC10119306.

RIZZI, Milena *et al.* Ingestion of plastic marine litter by sea turtles in southern Brazil: abundance, characteristics and potential selectivity. *Marine Pollution Bulletin*, [S.L.], v. 140, p. 536-548, mar. 2019. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.marpolbul.2019.01.054>.

RODRIGUES, Inês C. *et al.* Occurrence of Multidrug-Resistant Bacteria Resulting from the Selective Pressure of Antibiotics: a comprehensive analysis of *esbl k. pneumoniae* and *mrsp* isolated in a dog with rhinorrhea. **Veterinary Sciences**, [S.L.], v. 10, n. 5, p. 1, 2 maio 2023. MDPI AG. <http://dx.doi.org/10.3390/vetsci10050326>.

SAID, Mina; TIRTHANI, Ekta; LESHIO, Emil. *Stenotrophomonas Maltophilia*. Treasure Island (Fl): Statpearls Publishing, 2025. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34283489/>. Acesso em: 20 jan. 2026.

Saladin M, Cao VT, Lambert T, Donay JL, Herrmann JL, Ould-Hocine Z, Verdet C, Delisle F, Philippon A, Arlet G. Diversity of CTX-M beta-lactamases and their promoter regions from Enterobacteriaceae isolated in three Parisian hospitals. *FEMS Microbiol Lett.* 2002 Apr 9;209(2):161-8. doi: 10.1111/j.1574-6968.2002.tb11126.x. PMID: 12007800.

SALVARANI, Patricia I. *et al.* Hawksbill Sea Turtle (*Eretmochelys imbricata*) Blood and Eggs Organochlorine Pesticides Concentrations and Embryonic Development in a Nesting Area (Yucatan Peninsula, Mexico). *Toxics*, [S.L.], v. 11, n. 1, p. 50, 3 jan. 2023. MDPI AG. <http://dx.doi.org/10.3390/toxics11010050>.

SAMARA, Fatin *et al.* Toxicological assessment of hawksbill sea turtle eggs from the Arabian Gulf. *Marine Pollution Bulletin*, [S.L.], v. 222, p. 118625, jan. 2026. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.marpolbul.2025.118625>.

SANTOS, Alexsandro Santana dos *et al.* Plano de ação nacional para a conservação das tartarugas marinhas. Organizadores: Maria Ângela Azevedo Guagni Dei Marcovaldi;

Alexsandro Santana dos Santos. Brasília: Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade (ICMBio), 2011. 120 p.: il. color. (Série Espécies Ameaçadas, 25).

Silva MAD, Medina RM, Leandro HJ, Ribeiro RB, Petronilha MBRG, Carvalho ECQ, Silveira RL, Werneck MR, Shimoda E. Alterações patológicas por ovos de espirórquideos em tartaruga-de-pente (*Eretmochelys imbricata*) encalhada na costa brasileira. Um Acad Bras Cienc. 6 de julho de 2022; 94(4):e20201107. doi: 10.1590/0001-3765202201107. PMID: 35830069.

SILVA, Aridson Erick Ferreira da *et al.* Resistência bacteriana pelo uso indiscriminado dos carbapenêmicos meropenem e imipenem: uma revisão integrativa. Research, Society And Development, [S.L.], v. 11, n. 7, p. 44711730195, 27 maio 2022. Research, Society and Development. <http://dx.doi.org/10.33448/rsd-v11i7.30195>.

SILVA, Maria Aparecida da *et al.* Pathological changes by spirorchiid eggs in hawksbill sea turtle (*Eretmochelys imbricata*) stranded off brazilian coast. Anais da Academia Brasileira de Ciências, [S.L.], v. 94, n. 4, p. 1, 2022. FapUNIFESP (SciELO). <http://dx.doi.org/10.1590/0001-376520220201107>.

SILVA, Matheus Felipe de Souza Dias da *et al.* Traces of oil in sea turtle feces. Marine Pollution Bulletin, [S.L.], v. 200, p. 116088, mar. 2024. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.marpolbul.2024.116088>.

SILVA, Meire Maria da *et al.* Gut colonization of semi-aquatic turtles inhabiting the Brazilian Amazon by international clones of CTX-M-8-producing *Escherichia coli*. Veterinary Microbiology, [S.L.], v. 301, p. 110344, fev. 2025. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.vetmic.2024.110344>.

SOUZA, Namany Lourpen Nascimento *et al.* Trace elements influence the hatching success and emergence of *Caretta caretta* and *Chelonia mydas*. Journal Of Trace Elements In Medicine And Biology, [S.L.], v. 50, p. 117-122, dez. 2018. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.jtemb.2018.06.007>.

Szabó O, Gulyás D, Szabó N, Kristóf K, Kocsis B, Szabó D. Plasmid-mediated quinolone resistance determinants in Enterobacteriaceae from urine clinical samples. Acta Microbiol Immunol Hung. 2018 Aug 1;65(3):255-265. doi: 10.1556/030.65.2018.012. Epub 2018 Feb 23. PMID: 29471688.

Tacão M, Correia A, Henriques I. Resistance to broad-spectrum antibiotics in aquatic systems: anthropogenic activities modulate the dissemination of bla(CTX-M)-like genes. *Appl Environ Microbiol*. 2012 Jun;78(12):4134-40. doi: 10.1128/AEM.00359-12. Epub 2012 Apr 6. PMID: 22492443; PMCID: PMC3370516.

TSAI, Ming-An *et al*. Further Evidence of Anthropogenic Impact: high levels of multiple-antimicrobial-resistant bacteria found in neritic-stage sea turtles. **Antibiotics**, [S.L.], v. 13, n. 11, p. 998, 22 out. 2024. MDPI AG. <http://dx.doi.org/10.3390/antibiotics13110998>.

TAGLIALEGNA, Agustina. Reviving colistin. *Nature Reviews Microbiology*, [S.L.], v. 21, n. 7, p. 411-411, 12 maio 2023. Springer Science and Business Media LLC. <http://dx.doi.org/10.1038/s41579-023-00907-0>.

THIBAULT, Margot *et al*. Do loggerhead sea turtle (*Caretta caretta*) gut contents reflect the types, colors and sources of plastic pollution in the Southwest Indian Ocean? *Marine Pollution Bulletin*, [S.L.], v. 194, p. 115343, set. 2023. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.marpolbul.2023.115343>.

CUBAS, Zamir Silvino; SILCA, Jean Carlos Ramos; CATÃO-DIAS, José Luiz. **Tratado de animais selvagens: medicina veterinária**. São Paulo: Roca, 2014.

TROTTA, Adriana *et al*. Detection of multi-drug resistance and AmpC β -lactamase/extended-spectrum β -lactamase genes in bacterial isolates of loggerhead sea turtles (*Caretta caretta*) from the Mediterranean Sea. *Marine Pollution Bulletin*, [S.L.], v. 164, p. 112015, mar. 2021. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.marpolbul.2021.112015>.

TSENG, Chien-Hao *et al*. Extended-Spectrum β -Lactamases (ESBL) Producing Bacteria in Animals. *Antibiotics*, [S.L.], v. 12, n. 4, p. 661, 28 mar. 2023. MDPI AG. <http://dx.doi.org/10.3390/antibiotics12040661>.

VECCHIONI, Luca; PACE, Antonino; SUCATO, Arianna; BERLINGHIERI, Flavia; CAMBERA, Irene; VISCONTI, Giulia; HOCHSCHEID, Sandra; ARCULEO, Marco; ALDUINA, Rosa. Unveiling the egg microbiota of the loggerhead sea turtle *Caretta caretta* in nesting beaches of the Mediterranean Sea. *Plos One*, [S.L.], v. 17, n. 5, p. 0268345, 26 maio 2022. Public Library of Science (PLoS). <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0268345>.

WANG, Yo-Wen *et al.* BACTERIAL IDENTIFICATION AND ANTIBIOTIC SENSITIVITY FROM THE ABSCESES OF CAPTIVE TORTOISES—CLINICAL ANTIBIOTIC RECOMMENDATIONS. *Journal Of Zoo And Wildlife Medicine*, [S.L.], v. 53, n. 2, p. 1, 16 jun. 2022. American Association of Zoo Veterinarians. <http://dx.doi.org/10.1638/2021-0093>.

WANMAD, Wipasitnee *et al.* Pharmacokinetic characteristics of danofloxacin in green sea (*Chelonia mydas*) and hawksbill sea (*Eretmochelys imbricata*) turtles. *Journal Of Veterinary Pharmacology And Therapeutics*, [S.L.], v. 45, n. 4, p. 402-408, 24 mar. 2022. Wiley. <http://dx.doi.org/10.1111/jvp.13054>.

WIMALASENA, S.H.M.P *et al.* THE PRESENCE OF PUTATIVE VIRULENCE DETERMINANTS, TETRACYCLINE AND β -LACTAMS RESISTANCE GENES OF *Aeromonas* SPECIES ISOLATED FROM PET TURTLES AND THEIR ENVIRONMENT. *Slovenian Veterinary Research*, [S.L.], v. 58, n. 1, p. 1, 24 mar. 2021. University of Ljubljana. <http://dx.doi.org/10.26873/svr-1144-2020>.

WHO; FAO; UNEP; WOA. **One Health Joint Plan of Action (2022–2026)**. Geneva: WHO, 2022

WYNEKEN, Jeanette. *La anatomía de las tortugas marinas*. U.S.: Department of Commerce, NOAA Technical Memorandum NMFS-SEFSC, 2004. 181 p.

ZAMRI, Puteri Juanita *et al.* A Systematic Review of Pharmacokinetic Studies of Colistin and Polymyxin B in Adult Populations. *Clinical Pharmacokinetics*, [S.L.], v. 64, n. 5, p. 655-689, 17 abr. 2025. Springer Science and Business Media LLC. <http://dx.doi.org/10.1007/s40262-025-01488-2>.

6) APENDICE 1



UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DO SEMI-ÁRIDO
COMISSÃO DE ÉTICA NO USO DE ANIMAIS

Mossoró, 06 de novembro de 2024.

PARECER 39/2024

Certificamos que a proposta intitulada **"DETECÇÃO DE BACTÉRIAS ULTIRRESISTENTES COLONIZANDO ESPÉCIE DE TARTARUGA-DE-PENTE (*Eretmochelys imbricata*)"**, sob a responsabilidade de Carlos Eduardo Bezerra de Moura - que envolve a produção, manutenção ou utilização de animais pertencentes ao filo Chordata, subfilo Vertebrata (exceto humanos), para fins de pesquisa científica, encontra-se de acordo com os preceitos da Lei nº 11.794, de 8 de outubro de 2008, do Decreto nº 6.899, de 15 de julho de 2009, e com as normas editadas pelo Conselho Nacional de Controle de Experimentação Animal - CONCEA, e foi aprovada pela COMISSÃO DE ÉTICA NO USO DE ANIMAIS (CEUA) da UFERSA em reunião no dia 01 de novembro de 2024.

Finalidade	☐ Ensino ☒ Pesquisa Científica
Vigência da autorização	Janeiro a Março/2025
Espécie/Linhagem	<i>Eretmochelys imbricata</i>
Nº de animais	20
Peso/Idade	Entre 50 a 80 kg e 20 a 30 anos
Sexo	F
Origem	Associação de Proteção e Conservação Ambiental do Cabo de São Roque

Andreza
 Araújo da
 França

Assinado eletronicamente
 por Andreza Araújo da
 França
 em 06/11/2024 às 14:05:00

Coordenador CEUA-UFERSA

BR 110 - Km 47 - Bairro Pres. Costa e Silva
 CEP 59625-900 - Mossoró - RN - (84) 3317-8360
<http://www2.ufersa.edu.br/porta/comissoes/ceua>

7) APENDICE 2

Caderno de Campo – Temporada 2022/2023 Projeto Tartarugas ao Mar – Licença SISBIO nº 64308 TAMAR/ICMBio/MMA Associação de Proteção e Conservação Ambiental Cabo de São Roque					
N. ESTACA	APC	APC	APC	APC	APC
N. REGISTRO					
DATA OCORR					
HORA OCORR					
FASE LUA					
TAM. MARÉ					
PRAIA					
LOCAL KM					
LATITUDE					
LONGITUDE					
MARCAS. ENC.					
MARCAS. COL.					
MARCAS. RETI.					
ESPÉCIE					
TUMORES					
COMP. CASCO					
LARG. CASCO					
TIPO OCORR					
SITUAÇÃO					
TEMP. TRANSF.					
OVOS TRANSF.					
OVOS FUR.					
NÃO VIÁVEIS					
N. NINHO					
PRAIA DEST. P.					
DATA ECLOS.					
DATA ABERT.					
HIST. NINHO					
VIVOS					
NATIMORTOS					
OVOS N. ECL.					
OVOS TOT.					
OBSERVAÇÃO					