

Expressiva abundância e diversidade de genes de resistência a antibióticos durante o inverno amazônico no lago da Usina Hidrelétrica de Tucuruí, estado do Pará, Brasil

High abundance and diversity of antibiotic resistance genes during the Amazonian winter in the reservoir of the Tucuruí Hydroelectric Plant, state of Pará, Brazil

Andreza Paloma Góes Oliveira¹ , Diego Assis das Graças² , Rafael Azevedo Baraúna³ , Artur Luiz da Costa da Silva⁴ 

¹ Universidade Federal do Pará, Parque de Ciência e Tecnologia, Instituto de Ciências Biológicas, Laboratório de Engenharia Biológica, Belém, estado do Pará, Brasil



RESUMO

Tucuruí é a segunda maior usina hidrelétrica inteiramente brasileira, e o lago artificial formado após sua construção modificou o ecossistema regional. Muitos microrganismos patogênicos e de vida livre que abrigam genes de resistência a antibióticos (ARGs) estão adaptados a habitats aquáticos, tornando os rios possíveis fontes de ARGs. OBJETIVO: descrever a ocorrência de ARGs segundo a variabilidade espacial e sazonal no lago da usina hidrelétrica Tucuruí. MATERIAIS E MÉTODOS: Amostras foram coletadas nas camadas fótica, afótica e sedimentar das estações Montante 1 e Montante Novo Repartimento, durante o verão e o inverno amazônicos. O DNA foi extraído e sequenciado na plataforma Ion Proton para análise metagenômica. A montagem *de novo* foi realizada com MEGAHIT; *open reading frames* foram preditas com Prodigal; e ARGs foram obtidos a partir das bases CARD e MEGARes. Contigs contendo ARGs foram gerados para análises posteriores. As análises estatísticas foram feitas no R, com o pacote ggplot2. RESULTADOS: Os ARGs mais abundantes no conjunto de amostras foram betalactâmicos ($3.317,92 \times/\text{Gb}$), macrolídeo–lincosamida–estreptogramina ($1.079,77 \times/\text{Gb}$), tetraciclina ($968,23 \times/\text{Gb}$), aminoglicosídeo ($779,25 \times/\text{Gb}$) e genes de resistência a múltiplas drogas ($698,94 \times/\text{Gb}$), com destaque de ocorrência sobretudo no inverno amazônico na camada superficial do lago. CONCLUSÃO: Os resultados indicam importante influência antrópica e preocupação com a disseminação de genes de resistência a antibióticos no lago da usina hidrelétrica Tucuruí.

Palavras-chave: Genes MDR; Metagenômica; Centrais Hidrelétricas; Ecossistema Amazônico.

ABSTRACT

Tucuruí is the second largest fully Brazilian hydroelectric plant, and the artificial lake formed after its construction profoundly altered the regional ecosystem. Many pathogenic and free-living microorganisms that harbor antibiotic resistance genes (ARGs) are adapted to aquatic habitats, making rivers potential reservoirs of ARGs. OBJECTIVE: To describe the occurrence of ARGs according to spatial and seasonal variability in the Tucuruí Hydroelectric Plant reservoir. MATERIALS AND METHODS: Samples were collected from the photic, aphotic, and sediment layers at the Montante 1 and Montante Novo Repartimento stations during the Amazonian summer and winter. DNA was extracted and sequenced on the Ion Proton platform for metagenomic analysis. *De novo* assembly was performed using MEGAHIT, open reading frames were predicted with Prodigal, and ARGs were identified using the CARD and MEGARes databases. Contigs containing ARGs were generated for subsequent analyses. Statistical analyses were conducted in R using the ggplot2 package. RESULTS: The most abundant ARGs in the samples were those related to beta-lactams ($3,317.92 \times/\text{Gb}$), macrolide–lincosamide–streptogramin ($1,079.77 \times/\text{Gb}$), tetracyclines ($968.23 \times/\text{Gb}$), aminoglycosides ($779.25 \times/\text{Gb}$), and multidrug resistance genes ($698.94 \times/\text{Gb}$). These ARGs occurred predominantly during the Amazonian winter in the surface layer of the reservoir. CONCLUSION: The outcomes screen significant anthropogenic influence and concern regarding the spread of antibiotic resistance genes in the Tucuruí Hydroelectric Plant reservoir.

Keywords: Genes, MDR; Metagenomics; Hydroelectric Power Plants (Environmental Health); Amazonian Ecosystem.

Correspondência / Correspondence:

Andreza Paloma Góes Oliveira
Universidade Federal do Pará, Laboratório de Engenharia Biológica, Parque de Ciência e Tecnologia, Instituto de Ciências Biológicas
Avenida Augusto Corrêa, 1. Bairro: Guamá. Belém, estado do Pará, Brasil – Tel.: +55 (91) 98724-1353
E-mail: andrezapgo@gmail.com.br

INTRODUÇÃO

O uso disseminado de antibióticos ao longo dos anos favoreceu o surgimento de bactérias resistentes, uma vez que estas se adaptam com facilidade a diferentes ambientes considerados hostis. Muitos microrganismos patogênicos e de vida livre estão adaptados a habitats aquáticos, o que torna os rios potenciais reservatórios de genes de resistência a antibióticos (ARGs), especialmente naqueles sujeitos a intensa interferência humana¹.

Além disso, os níveis de ARGs têm demonstrado correlação com marcadores de águas residuais em rios fortemente impactados por atividades antrópicas, estando associados a patógenos humanos conhecidos e à sazonalidade do período chuvoso^{2,3}.

A variação sazonal da precipitação no estado do Pará caracteriza-se por um período chuvoso, que na maioria das localidades — como em Tucuruí — estende-se de dezembro a maio, e por um período seco, geralmente compreendido entre junho e novembro⁴.

Tucuruí abriga a segunda maior usina hidrelétrica (UHE) inteiramente brasileira e a quinta maior do mundo, com 4.214 km² de lago artificial que modificou profundamente o ecossistema regional, ocupando grande parte da floresta tropical nativa⁵. O reservatório possui cerca de 100 km de comprimento e 18 km de largura⁶, tendo submergido aproximadamente 14 aldeias ribeirinhas⁷. Sua construção estimulou debates sobre questões econômicas, sociais e ambientais, relacionadas ao desenvolvimento urbano e ao aumento da renda local, em contrapartida às perdas de produtividade agrícola e pesqueira^{8,9}.

O reservatório de Tucuruí está dividido em pelo menos dez estações que refletem diferenças morfométricas do sistema, influenciando diretamente a circulação e a vazão da água na região¹⁰. A população residente no entorno mantém uma estreita relação com

o lago¹¹, no qual a atividade pesqueira desempenha papel de grande relevância econômica e social¹².

De acordo com o último Censo de 2022 do Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística¹³, Tucuruí apresenta apenas 14,64% de esgotamento sanitário adequado. Assim como ocorre em grande parte das áreas urbanas e rurais da Amazônia brasileira desprovidas de infraestrutura sanitária¹⁴, é provável que efluentes oriundos de rejeitos humanos sejam lançados diretamente no lago da UHE Tucuruí — fenômeno intensificado durante o período chuvoso —, o que representa risco à saúde pública pela disseminação de bactérias portadoras de ARGs nesse ambiente.

Poucos estudos relacionam a presença de ARGs em ambientes aquáticos à sazonalidade local e, até o momento, não foram encontrados trabalhos que investiguem essa relação em lagos artificiais da Amazônia, o que reforça a relevância e o caráter inédito deste estudo.

Portanto, este trabalho teve como objetivo descrever a abundância e a diversidade de ARGs e avaliar seu potencial de disseminação de acordo com a variabilidade espacial e sazonal no lago da UHE Tucuruí.

MATERIAL E MÉTODOS

As amostras de água e sedimento foram coletadas no lago da UHE Tucuruí entre setembro de 2015 e março de 2017, período correspondente à execução do projeto matriz na região. Foram obtidos um litro da camada fótica (F), localizada a dois metros de profundidade a partir da superfície; um litro da camada afótica (A), correspondente ao fundo do lago; e 50 gramas da camada sedimentar (S), nas estações Montante 1 (M1) e Montante Novo Repartimento (MR) (Figura 1). As coletas ocorreram durante o verão amazônico (1), que compreende os meses de junho a novembro, e durante o inverno amazônico (2), entre dezembro e maio.

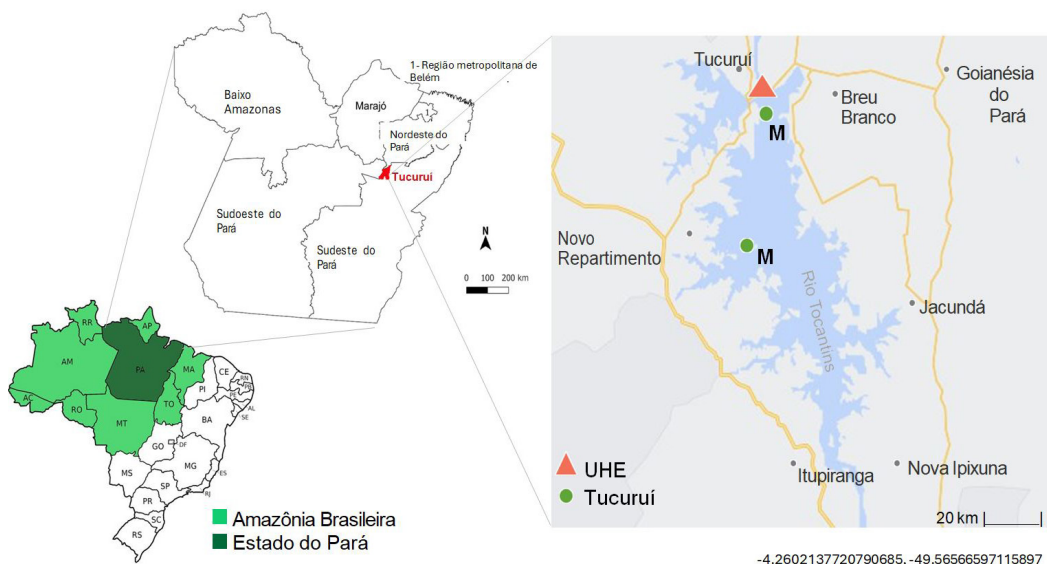


Figura 1 – Mapa da amostragem com a marcação da Usina Hidrelétrica Tucuruí e das estações estudadas

Após a filtragem em membrana de nitrocelulose de 0,22 µm (Whatman, EUA), as amostras de ácido desoxirribonucleico (DNA) foram extraídas utilizando o kit UltraClean Microbial® (Qiagen®). O sequenciamento metagenômico foi realizado na plataforma Ion Proton™ (Thermo Fisher Scientific), empregando *fragment library*.

As leituras foram submetidas ao FASTX-toolkit v.0.0.13 (-20/-1100/-q20/-p70)¹⁵ para controle de qualidade, e o SPAdes v.3.13.0¹⁶ foi utilizado para correção de erros de sequenciamento. A montagem de novo foi realizada com o MEGAHIT v.0.1¹⁷, e as *open reading frames* (ORFs) foram preditas pelo Prodigal v.2.6.3¹⁸.

Os ARGs foram identificados por meio da ferramenta *Resistance Gene Identifier* (RGI) v.5.2.0, a partir do banco *Comprehensive Antibiotic Resistance Database* (CARD) v.3.1.4¹⁹ (outubro de 2021), utilizando abordagem BLASTX com algoritmos "perfeito" e "estricto". Também foi utilizada a base MEGARes v.2.0.0²⁰ (14 de outubro de 2019), com abordagem TBLASTN. Os resultados obtidos foram mesclados e filtrados com identidade ≥ 80% e cobertura ≥ 40%.

A abundância (cobertura, ×/Gb) dos ARGs contidos em ORFs em cada amostra foi calculada conforme descrito por Ma et al.²¹, de acordo com a fórmula 1.

$$\text{Abundância (cobertura, X/Gb)} = \sum_i \frac{N_{\text{leituras mapeadas}} \times 200/L_{\text{ARGs contidos em ORFs}}}{S} \quad (1)$$

O arquivo *ARG-carrying contigs* (ACC) foi gerado para análises posteriores com o PATRIC v.3.6.12. A predição taxonômica foi realizada pelo Kraken2²²

e a identificação de plasmídeos pelo PlasmidFinder v.2.1^{23,24}, utilizando os parâmetros: família *Enterobacteriaceae*, identidade ≥ 80% e cobertura ≥ 40%. Os plasmídeos identificados foram classificados quanto à mobilidade pela ferramenta MOB-Typer v.3.0.3²⁵. O SimpleSynteny v.1.5²⁶ foi empregado para determinar o arranjo entre ARGs e plasmídeos.

O *heatmap* foi gerado no Morpheus²⁷, e as análises estatísticas foram conduzidas no software R, com o pacote ggplot2²⁸, aplicando os testes de Kruskal-Wallis e Wilcoxon, adotando-se nível de significância de 95%.

RESULTADOS

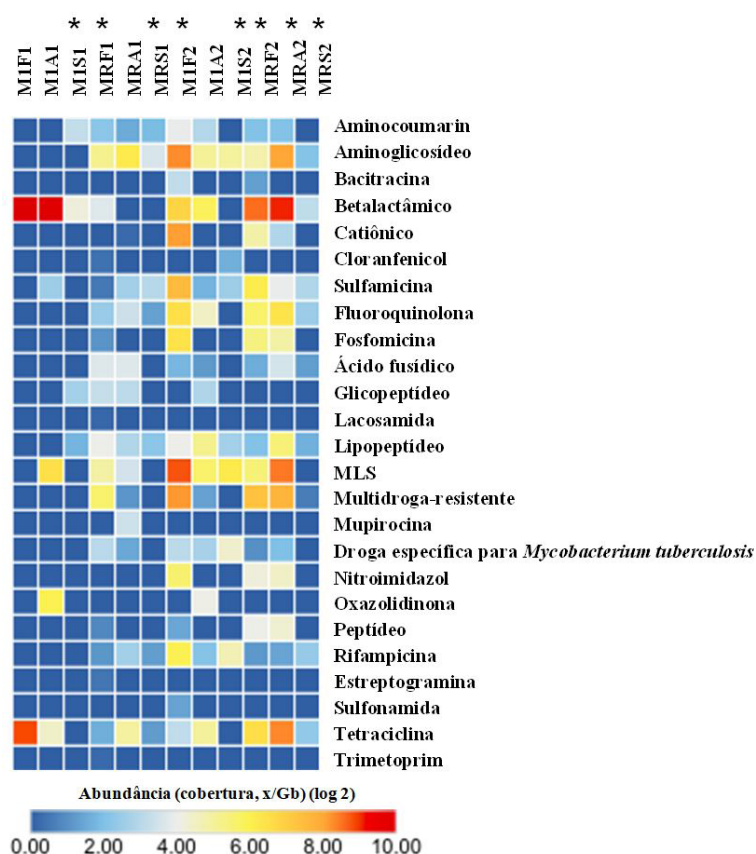
Após a montagem de novo, foram identificados 4.453 genes de resistência a antibióticos (ARGs) contidos em *open reading frames* (ORFs), originados de 2.409 *ARG-carrying contigs* (ACCs) distribuídos entre as 12 amostras analisadas (Tabela 1). O perfil taxonômico revelou que os ARGs estavam predominantemente associados ao filo *Proteobacteria*, especialmente nas amostras M1F1, M1A1, M1F2, MRF2 e MRA2, com frequências superiores a 70%. As demais amostras apresentaram proporções semelhantes de *Proteobacteria* e do reino *Terrabacteria*, cada um com até 40% de ocorrência.

Os ARGs contidos em ORFs foram mais frequentes nas amostras M1F1 e M1A1 (Tabela 1) em comparação com as demais. No total, foram identificados 343 subtipos de ARGs, distribuídos em 25 tipos distintos. A maior diversidade de subtipos foi observada nas amostras da estação MR coletadas durante o inverno amazônico ($\chi^2 = 33,93$; gl = 1; p-valor < 0,0001).

Tabela 1 – Dados metagenômicos obtidos nas amostras do lago da Usina Hidrelétrica de Tucuruí, estado do Pará, Brasil

Amostra	Reads filtradas (Gb)	Contigs	ORFs	ACCs (%)	ARG-like ORFs (%)	Subtipos únicos de ARGs
M1F1	11.998.511 (2,07)	149	162	5 (3,36)	11 (6,79)	3
M1A1	26.533.384 (4,91)	607	584	11 (1,81)	16 (2,74)	7
M1S1	13.604.372 (2,71)	18.677	24.102	4 (0,02)	4 (0,02)	4
MRF1	56.681.602 (10,46)	1.238.560	1.767.721	608 (0,05)	1.068 (0,06)	58
MRA1	55.420.581 (10,17)	1.337.314	1.935.706	656 (0,05)	1.189 (0,06)	32
MRS1	10.086.666 (1,91)	47.130	58.370	21 (0,04)	31 (0,05)	8
M1F2	12.245.734 (2,02)	245.147	350.519	373 (0,15)	785 (0,22)	73
M1A2	10.188.484 (1,67)	141.422	226.978	176 (0,12)	305 (0,13)	25
M1S2	988.999 (0,17)	10.604	13.679	8 (0,07)	12 (0,09)	6
MRF2	25.722.784 (4,18)	200.200	296.771	266 (0,13)	536 (0,18)	60
MRA2	16.883.351 (2,78)	133.578	204.866	230 (0,17)	418 (0,2)	53
MRS2	15.666.627 (2,85)	112.110	137.328	51 (0,04)	78 (0,06)	14
TOTAL	256.021.095 (45,9)	3.485.498	5.016.786	2.409 (100)	4.453 (100)	343

M1: Estação Montante 1; MR: Estação Montante Novo Repartimento; F: Camada fótica; A: Camada afótica; S: Camada sedimentar; 1: Amostras coletadas durante o verão amazônico; 2: Amostras coletadas durante o inverno amazônico; ORFs: *open reading frames*; ACCs: *ARG-carrying contigs*



M1: Estação Montante 1; MR: Estação Montante Novo Repartimento; F: Camada fótica; A: Camada afótica; S: Camada sedimentar; 1: Amostras coletadas durante o verão amazônico; 2: Amostras coletadas durante o inverno amazônico. MLS: macrolídeo–lincosamida–estreptogramina; * $p < 0,05$.

Figura 2 – Composição e abundância de diferentes tipos de genes de resistência a antibióticos nas amostras do lago da Usina Hidrelétrica de Tucuruí, estado do Pará, Brasil

A Figura 2 apresenta a distribuição e a abundância dos diferentes tipos de ARGs nas amostras, com valores variando de 0,15 a 1.274,39 x/Gb. Os tipos mais abundantes, considerando o conjunto total de amostras, foram: betalactâmicos (3.317,92 x/Gb), macrolídeo–lincosamida–estreptogramina (MLS) (1.079,77 x/Gb), tetraciclina (968,23 x/Gb), aminoglicosídeo (779,25 x/Gb) e genes de resistência a múltiplas drogas (698,94 x/Gb).

A soma de ranks no teste de Kruskal-Wallis indicou diferença altamente significativa na abundância total de tipos de ARGs entre as amostras ($\chi^2 = 64,01$; gl = 11; p -valor < 0,0001). A amostra M1F2 apresentou abundância significativamente superior em relação à maioria das demais (teste de Wilcoxon: $W \geq 416,50$; p -valor $\leq 0,03$), exceto quando comparada às amostras MRF1 ($W = 216$; p -valor = 0,06), MRF2 ($W = 361$; p -valor = 0,35) e MRA2 ($W = 336,50$; p -valor = 0,64) (Figura 3).

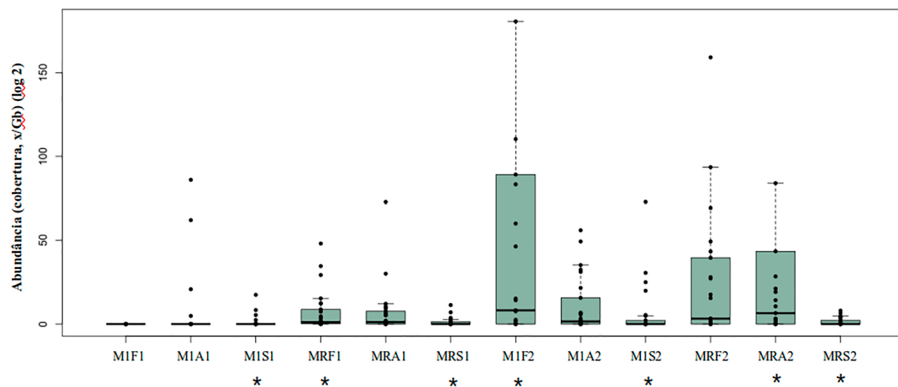
As amostras coletadas na camada sedimentar não apresentaram diferenças estatisticamente significativas entre si ($W \leq 296$; p -valor $\leq 0,19$), mas diferiram das demais amostras ($W \geq 406$; p -valor $\leq 0,04$) (Figura 3).

A abundância total de subtipos de ARGs de importância clínica (aqueles cuja administração ocorre ao menos uma dose diária²⁹), particularmente

os relacionados aos tipos betalactâmico e multidroga-resistente, também diferiu significativamente entre as amostras segundo o teste de Kruskal-Wallis ($\chi^2 = 55,57$; gl = 11; p -valor < 0,0001) (Figura 4). Observou-se maior incidência de betalactâmicos na camada fótica das estações M1 e MR durante o inverno amazônico ($W \geq 294$; p -valor $\leq 0,04$).

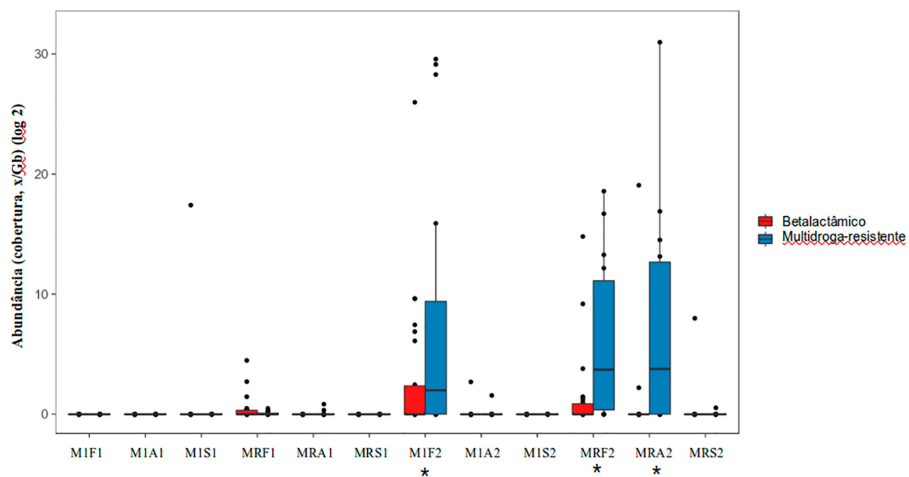
A correlação entre ARGs e plasmídeos foi verificada nas amostras M1F1, M1A1 e MRF2 (Figura 5). Os genes *bla*_{TEM-209} (1.164,50 x/Gb), *bla*_{TEM-95} (302,05 x/Gb) e *tetC* (93,50 x/Gb) foram encontrados em associação ao plasmídeo ColRNAI, indicando fortemente a possibilidade de transferência horizontal desses genes. A ferramenta MOB-Typer identificou que apenas o plasmídeo relacionado ao gene *tetC* na amostra MRF2 foi previsto como transferível.

Também foi observada a ocorrência de clusters de ARGs, como o *marRA* (61,33 x/Gb), que codifica fatores de transcrição associados à resistência a múltiplas drogas e foi identificado em M1F2; o *kpnEF* (9,61 x/Gb), relacionado a bombas de efluxo de amplo espectro e detectado em MRF2; e o *emrRA* (48,41 x/Gb), envolvido na regulação de bombas de efluxo associadas à resistência às fluoroquinolonas, encontrado em MRA2 (Figura 5).



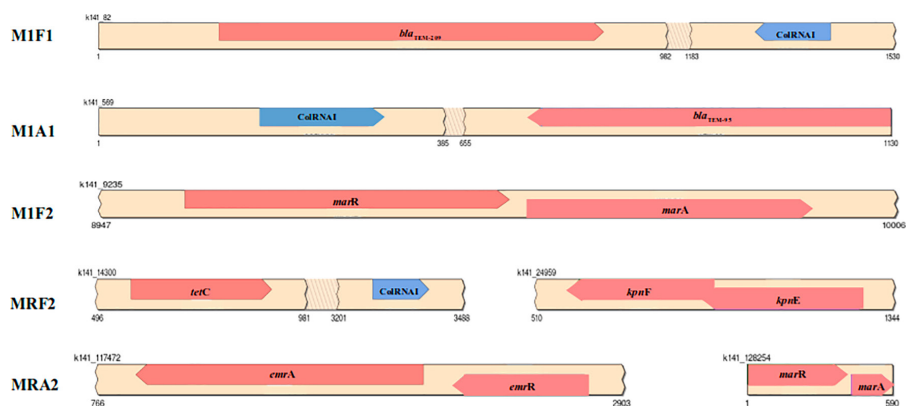
Kruskal-Wallis rank sum test: $\chi^2 = 64,01$; gl = 11; $p < 0,0001$. M1: Estação Montante 1; MR: Estação Montante Novo Repartimento; F: Camada fótica; A: Camada afótica; S: Camada sedimentar; 1: Amostras coletadas durante o verão amazônico; 2: Amostras coletadas durante o inverno amazônico; * $p < 0,05$.

Figura 3 – Comparação da abundância total de tipos de genes de resistência a antibióticos entre as diferentes amostras do lago da Usina Hidrelétrica de Tucuruí, estado do Pará, Brasil



M1: Estação Montante 1; MR: Estação Montante Novo Repartimento; F: Camada fótica; A: Camada afótica; S: Camada sedimentar; 1: Amostras coletadas durante o verão amazônico; 2: Amostras coletadas durante o inverno amazônico; * $p < 0,05$.

Figura 4 – Comparação da abundância total de subtipos de genes de resistência a antibióticos clinicamente importantes, definidos como aqueles administrados em pelo menos uma dose diária, nas amostras do lago da Usina Hidrelétrica de Tucuruí, estado do Pará, Brasil



M1: Estação Montante 1; MR: Estação Montante Novo Repartimento; F: Camada fótica; A: Camada afótica; S: Camada sedimentar; 1: Amostras coletadas durante o verão amazônico; 2: Amostras coletadas durante o inverno amazônico.

Figura 5 – Associação de genes de resistência a antibióticos com o replicon do plasmídeo ColRNAI e coassociação de ARGs, originando clusters em amostras específicas do lago da Usina Hidrelétrica de Tucuruí, estado do Pará, Brasil

DISCUSSÃO

De acordo com os dados apresentados neste estudo, a atividade humana contribui para a disseminação dos ARGs nos ecossistemas aquáticos. A poluição da água representa um problema urgente para os ecossistemas fluviais, principalmente em razão das atividades antropogênicas e da influência de efluentes domésticos e hospitalares. A compreensão da distribuição e transmissão dos ARGs tem sido utilizada como indicador da poluição e da pressão antrópica sobre os ambientes aquáticos^{32,33}.

O gene *bla*_{TEM} foi o betalactâmico mais prevalente nas amostras de água, independentemente da estação ou do período de coleta, resultado semelhante ao descrito por Yu et al.³⁴. O gene *tetC* também apresentou ampla distribuição entre as amostras, de modo consistente com o relatado por Jia et al.³⁵, que identificaram grande número de genes conferindo resistência à tetraciclina em um rio brasileiro e na microbiota intestinal de um peixe ornamental, destacando a necessidade de maior atenção à disseminação desses ARGs em ambientes antrópicos.

A elevada incidência do RNA ribossômico 23S resistente a macrolídeos (MLS23S), bem como dos genes *rrsO* e *marRA*, classificados, respectivamente, nos grupos MLS, aminoglicosídeo e multidroga-resistente, parece estar associada às amostras de água coletadas durante o inverno amazônico, conforme evidenciado em estudos prévios^{36,37}.

Durante o inverno amazônico observou-se maior diversidade de tipos de ARGs, demonstrando que o período chuvoso exerce influência determinante sobre a distribuição e a concentração desses genes. Essa tendência está de acordo com resultados obtidos em outras investigações realizadas em ambientes tropicais úmidos^{2,3,38,39}, que associaram o aumento da carga microbiana e da mobilização de ARGs aos eventos de precipitação intensa. Também foi demonstrada relação significativa entre marcadores de esgoto e ARGs em uma praia australiana³, bem como entre condições endêmicas, parâmetros físico-químicos e climatológicos e a abundância de ARGs em águas residuais de estações de tratamento na Colômbia³⁹.

Independentemente do período do ano ou do local de coleta, a abundância de ARGs nas amostras de sedimento não diferiu entre si, mas foi significativamente menor em comparação às demais amostras. Os ARGs mostraram-se mais diversos e abundantes nas águas superficiais do que nos sedimentos, achado semelhante ao descrito por outros autores^{33,40}. No entanto, difere do observado em um rio da Espanha, onde a ocorrência de ARGs nos sedimentos persistiu por longos períodos, independentemente da precipitação⁴¹. Segundo esses autores, a diversidade e a estabilidade dos ARGs podem ser influenciadas pelo microbioma e pelas condições físico-químicas do rio, associadas à descarga contínua de esgoto.

Além do sedimento como potencial reservatório secundário, a presença de biofilmes em superfícies

bióticas ou abióticas, como microplásticos, merece atenção, pois constitui importante via de disseminação de ARGs⁴². Estudos recentes apontam que biofilmes podem apresentar até três vezes mais chance de carregar esses genes e favorecer sua associação com patógenos oportunistas, como bactérias do gênero *Vibrio*⁴³.

Os resultados de abundância dos subtipos de ARGs clinicamente importantes foram semelhantes à abundância total de tipos de ARGs em relação às amostras, com destaque para os betalactâmicos em M1F2, MRF2 e MRA2, indicando que sua ocorrência pode ser influenciada pelo período chuvoso. Achado semelhante foi relatado no rio Isabela, na República Dominicana, onde múltiplos genes betalactâmicos foram detectados em função da influência antrópica e da carência de infraestrutura sanitária⁴⁴.

A presença de ARGs — formando *clusters* ou não — associados ao *replicon* do plasmídeo ColRNAI representa forte evidência de transferência gênica horizontal. Essa correlação pode contribuir para a aquisição e disseminação desses genes, conforme demonstrado em estudos que identificaram a transferência de *bla*_{KPC-2} e *tetA* em contextos semelhantes^{32,45}.

LIMITAÇÕES DO ESTUDO

Este é um estudo pioneiro na análise de ARGs em lagos artificiais da Amazônia. Duas limitações principais devem ser consideradas em tentativas de reprodutibilidade: a primeira refere-se à ausência de réplicas amostrais; a segunda, à falta de normalização entre as amostras.

IMPLICAÇÕES AMBIENTAIS E DE SAÚDE PÚBLICA

Devido à estreita relação da população amazônica com os rios, esses ambientes têm sido objeto de investigação em diferentes áreas do conhecimento. Quanto maior a influência antrópica sobre as paisagens naturais, mais intensas tendem a ser suas modificações, o que acende sinais de alerta sobre os impactos potenciais dessa relação.

Grandes empreendimentos, como a construção de usinas hidrelétricas, impuseram mudanças irreversíveis ao cenário natural da Amazônia. Embora tenham contribuído para o desenvolvimento urbano e econômico, também favoreceram o surgimento de doenças e a poluição dos rios.

Na região amazônica, especialmente em áreas mais distantes dos centros urbanos, os problemas de saúde pública permanecem crescentes, apesar dos esforços de ampliação das políticas públicas. A má gestão de recursos públicos agrava a carência da população em relação ao acesso a serviços básicos, como o esgotamento sanitário. Durante o período chuvoso, a ineficiência desse serviço se intensifica, expondo a população ao maior contato com águas residuais.

O uso indiscriminado e inadequado de antibióticos, intensificado durante a pandemia de COVID-19, é amplamente reconhecido como um dos principais

fatores associados ao surgimento de superbactérias portadoras de ARGs, que contribuem para o aumento de óbitos anuais. No entanto, pouco se discute o quanto o contato direto com efluentes e águas residuais reforça esse cenário de resistência antimicrobiana.

O esgotamento sanitário inadequado em Tucuruí, onde se localiza um dos maiores lagos artificiais da Amazônia, sugere que, além das chuvas sazonais, os efluentes não tratados aumentam o risco de contaminação por ARGs. O processo de lixiviação durante o inverno amazônico — período de chuvas intensas — favorece o escoamento de resíduos para os leitos dos rios. Considerando que os rios amazônicos constituem fontes essenciais de transporte e subsistência para a população local, o risco de contaminação representa um alerta significativo para a saúde pública.

Portanto, faz-se necessário o desenvolvimento de novos estudos que aprofundem essa discussão e subsidiem políticas públicas mais eficazes. É fundamental o comprometimento do poder público e da sociedade para o controle dos agravos à saúde e a proteção dos ecossistemas amazônicos.

CONCLUSÃO

Os resultados deste estudo evidenciam a elevada diversidade e abundância de ARGs no lago da Usina Hidrelétrica de Tucuruí, influenciadas tanto pelo período chuvoso característico da região amazônica quanto pela precariedade do esgotamento sanitário no município. Esses achados reforçam a necessidade

de monitoramento contínuo e de tratamento adequado de efluentes, a fim de reduzir riscos à saúde pública. Recomenda-se a realização de novos estudos que contribuam para mitigar os impactos à saúde humana e ambiental.

AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem à Fundação de Amparo e Desenvolvimento da Pesquisa (FADESPA/UFPA), à Pró-Reitoria de Pesquisa e Pós-Graduação (PROPEP/UFPA), à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Biologia Molecular (PPGBM/UFPA) pelo apoio institucional e científico.

APOIO FINANCEIRO

Fundação de Amparo e Desenvolvimento da Pesquisa (FADESPA/UFPA) e Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES).

CONFLITO DE INTERESSES

Os autores declaram não haver conflitos de interesses.

CONTRIBUIÇÃO DOS AUTORES

DAG, RAB e ALCS planejaram os locais de amostragem, projetaram os experimentos e realizaram o sequenciamento das amostras. APGO analisou os dados e redigiu o manuscrito.



REFERÊNCIAS

- 1 Reichert G, Hilgert S, Alexander J, Rodrigues de Azevedo JC, Morck T, Fuchs S, et al. Determination of antibiotic resistance genes in a WWTP-impacted river in surface water, sediment, and biofilm: Influence of seasonality and water quality. *Science of The Total Environment*. 2021 May;768:144526.
- 2 Peng F, Isabwe A, Guo Y, Chen H, Yang J. An extensively shared antibiotic resistome among four seasons suggests management prioritization in a subtropical riverine ecosystem. *Science of The Total Environment*. 2019 Jul;673:533–40.
- 3 Williams NLR, Siboni N, McLellan S, Potts J, Scanes P, Johnson C, et al. Rainfall leads to elevated levels of antibiotic resistance genes within seawater at an Australian beach. *Environmental Pollution*. 2022 May;307:119456.
- 4 Hoffmann EL, Rivanildo Dallacort, Antônio M, Yamashita OM, Barbieri JD. Variabilidade das chuvas no Sudeste da Amazônia paraense, Brasil (Rainfall variability in southeastern Amazonia, Paraense, Brazil). *Revista Brasileira de Geografia Física*. 2018 Oct 22;11(4):1251–63.
- 5 Silva ASO, Gondim MC, Martins DG, Reis ARS. Características da vegetação remanescente em torno do complexo da UHE de Tucuruí, Pará, Brasil. *Revista Craibeiras de Agroecologia*. 2017: 1–5.
- 6 Almeida NDJR. Alternativas de manejo pesqueiro no lago da usina hidrelétrica de Tucuruí/PA. *Nova Revista Amazônica*. 2019 Apr 30;7(1):243.
- 7 Montoya ADV, Lima AMM. Avaliação do processo de cobertura da terra no entorno de usinas hidrelétricas na Amazônia entorno de usinas hidrelétricas na Amazônia brasileira : a evolução da UHE de Tucuruí. [Thesis]. [Universidade Federal do Pará, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Museu Paraense Emílio Goeldi, Brasil, Instituto de Geociências, UFPA, EMBRAPA, MPEG, Programa de Pós- Graduação em Ciências Ambientais]; 2018.
- 8 de Faria FAM, Davis A, Severini E, Jaramillo P. The local socio-economic impacts of large hydropower plant development in a developing country. *Energy Economics* [Internet]. 2017 Sep [cited 2021 Dec 3];67:533–44. Available from: <https://www.cmu.edu/ceic/assets/docs/publications/published-papers/2017-and-2018/faria-et-al-2017.pdf>

- 9 da Silva Junior OM, dos Santos MA, Szlafsztein CF, Gomez JMA, Pereira JP. Protected areas as strategies for preserving vegetation cover in the vicinity of hydroelectric projects in the Brazilian Amazon. *Energy, Sustainability and Society*. 2018 Oct 30;8(1).Silva HAN. Estimating the Concentration of Physico-Chemical Parameters in Hydroelectric Power Plant Reservoir [Thesis]. [Information and Communication Technology - University of Rome "La Sapienza"]; 2018.
- 10 Yoshino GH. Estudo da vulnerabilidade hídrica das populações que moram na região do lago da usina hidrelétrica de Tucuruí no Estado do Pará [thesis]. [Programa de Pós-Graduação em Desenvolvimento Sustentável do Trópico Úmido, Núcleo de Altos Estudos Amazônicos, Universidade Federal do Pará]; 2017.
- 11 Flexa CE, Silva KCA, Cintra IHA. Pescadores artesanais a jusante da Usina Hidrelétrica de Tucuruí, Amazônia, Brasil. *Boletim do Instituto de Pesca*. 2016 Mar 5;42(1):221–35.
- 12 Panorama do Censo 2022 [Internet]. Panorama do Censo 2022. Available from: <https://censo2022.ibge.gov.br/panorama/indicadores.html?localidade=BR&tema=2>
- 13 Gauthier C, Lin Z, Peter BG, Moran EF. Hydroelectric Infrastructure and Potential Groundwater Contamination in the Brazilian Amazon: Altamira and the Belo Monte Dam. *The Professional Geographer*. 2019 Jan 15;1–9.
- 14 Caporaso JG, Kuczynski J, Stombaugh J, Bittinger K, Bushman FD, Costello EK, et al. QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data. *Nature Methods*. 2010 Apr 11;7(5):335–6.
- 15 Bankevich A, Nurk S, Antipov D, Gurevich AA, Dvorkin M, Kulikov AS, et al. SPAdes: A New Genome Assembly Algorithm and Its Applications to Single-Cell Sequencing. *Journal of Computational Biology*. 2012 May;19(5):455–77.
- 16 Li D, Liu CM, Luo R, Sadakane K, Lam TW. MEGAHIT: an ultra-fast single-node solution for large and complex metagenomics assembly via succinct de Bruijn graph. *Bioinformatics [Internet]*. 2015 Jan 20;31(10):1674–6. Available from: <https://arxiv.org/pdf/1409.7208.pdf>
- 17 Hyatt D, Chen GL, LoCascio PF, Land ML, Larimer FW, Hauser LJ. Prodigal: prokaryotic gene recognition and translation initiation site identification. *BMC Bioinformatics*. 2010 Mar 8;11(1).
- 18 Alcock BP, Raphenya AR, Lau TTY, Tsang KK, Bouchard M, Edalatmand A, et al. CARD 2020: antibiotic resistome surveillance with the comprehensive antibiotic resistance database. *Nucleic acids research [Internet]*. 2020 [cited 2020 Jan 14];48(D1):D517–25. Available from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/31665441>
- 19 Lakin SM, Dean C, Noyes NR, Dettenwanger A, Ross AS, Doster E, et al. MEGARes: an antimicrobial resistance database for high throughput sequencing. *Nucleic Acids Research*. 2016 Nov 28;45(D1):D574–80.
- 20 Ma L, Xia Y, Li B, Yang Y, Li LG, Tiedje JM, et al. Metagenomic Assembly Reveals Hosts of Antibiotic Resistance Genes and the Shared Resistome in Pig, Chicken, and Human Feces. *Environmental Science & Technology*. 2015 Dec 22;50(1):420–7.
- 21 Davis JJ, Wattam AR, Aziz RK, Brettin T, Butler R, Butler RM, et al. The PATRIC Bioinformatics Resource Center: expanding data and analysis capabilities. *Nucleic Acids Research*. 2019 Oct 31;
- 22 Camacho C, Coulouris G, Avagyan V, Ma N, Papadopoulos J, Bealer K, et al. BLAST+: architecture and applications. *BMC Bioinformatics*. 2009;10(1):421.
- 23 Carattoli A, Zankari E, García-Fernández A, Voldby Larsen M, Lund O, Villa L, et al. In Silico Detection and Typing of Plasmids using PlasmidFinder and Plasmid Multilocus Sequence Typing. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy [Internet]*. 2014 Apr 28;58(7):3895–903. Available from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4068535/>
- 24 Robertson J, Nash JHE. MOB-suite: software tools for clustering, reconstruction and typing of plasmids from draft assemblies. *Microbial Genomics*. 2018 Aug 1;4(8).
- 25 Veltri D, Martha Malapi Wight, Jo Anne Crouch. SimpleSynteny: a web-based tool for visualization of microsynteny across multiple species. *Nucleic Acids Research*. 2016 May 3;44(W1):W41–5.
- 26 Morpheus [Internet]. software.broadinstitute.org. Available from: <https://software.broadinstitute.org/morpheus>
- 27 useR! 2011 [Internet]. R-project.org. 2025 [cited 2025 Oct 27]. Available from: <https://user2011.r-project.org>
- 28 Zhang Z, Zhang Q, Wang T, Xu N, Lu T, Hong W, et al. Assessment of global health risk of antibiotic resistance genes. *Nature Communications [Internet]*. 2022 Mar 23 [cited 2022 Mar 31];13(1):1553. Available from: <https://www.nature.com/articles/s41467-022-29283-8>
- 29 Laffite A, Al Salah DMM, Slaveykova VI, Otamonga JP, Poté J. Impact of anthropogenic activities on the occurrence and distribution of toxic metals, extending-spectra β -lactamases and carbapenem resistance in sub-Saharan African urban rivers. *The Science of the total environment [Internet]*. 2020;727:138129. Available from: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32498199/>
- 30 Gomes S, Fernandes C, Monteiro S, Cabecinha E, Teixeira A, Varandas S, et al. The Role of Aquatic Ecosystems (River Tua, Portugal) as Reservoirs of Multidrug- Resistant *Aeromonas* spp. *Water*. 2021 Mar 5;13(5):698.

- 31 Xue X, Jia J, Yue X, Guan Y, Zhu L, Wang Z. River contamination shapes the microbiome and antibiotic resistance in sharpbelly (*Hemiculter leuciscus*). *Environmental Pollution*. 2021 Jan;268:115796.
- 32 Zou HY, He LY, Gao FZ, Zhang M, Chen S, Wu DL, et al. Antibiotic resistance genes in surface water and groundwater from mining affected environments. *Science of The Total Environment* [Internet]. 2021 Jun 10 [cited 2022 Apr 8];772:145516. Available from: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0048969721005842#bb0005>
- 33 Yu X, Zhang M, Zuo J, Shi X, Tang X, Chen L, et al. Evaluation of antibiotic resistant lactose fermentative opportunistic pathogenic Enterobacteriaceae bacteria and blaTEM-2 gene in cephalosporin wastewater and its discharge receiving river. *Journal of Environmental Management*. 2018 Sep 21;228:458–65.
- 34 Jia J, Guilherme Gomes-Silva, Plath M, Boscoli Barbosa Pereira, UeiraVieira C, Wang Z. Shifts in bacterial communities and antibiotic resistance genes in surface water and gut microbiota of guppies (*Poecilia reticulata*) in the upper Rio Uberabinha, Brazil. *Ecotoxicology and Environmental Safety*. 2021 Mar 1;211:111955–5.
- 35 Amarasiri M, Sano D, Suzuki S. Understanding human health risks caused by antibiotic resistant bacteria (ARB) and antibiotic resistance genes (ARG) in water environments: Current knowledge and questions to be answered. *Critical Reviews in Environmental Science and Technology*. 2019 Dec 3;50(19):1–44.
- 36 Bianco K, Rodolpho Mattos Albano, Sant'Anna S, Paula A, Thaís dos Santos, Maysa Mandetta Clementino. Possible health impacts due to animal and human fecal pollution in water intended for drinking water supply of Rio de Janeiro, Brazil. *Aqua*. 2019 Nov 19;69(1):70–84. Wu DL, Zhang M, He LX, Zou HY, Liu YS, Li BB, et al. Contamination profile of antibiotic resistance genes in ground water in comparison with surface water. *Science of The Total Environment*. 2020 May;715:136975.
- 37 Rodríguez EA, Pino NJ, Jiménez JN. Climatological and Epidemiological Conditions Are Important Factors Related to the Abundance of blaKPC and Other Antibiotic Resistance Genes (ARGs) in Wastewater Treatment Plants and Their Effluents, in an Endemic Country. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*. 2021 Aug 13;11.
- 38 Jiang H, Zhou R, Zhang M, Cheng Z, Li J, Zhang G, et al. Exploring the differences of antibiotic resistance genes profiles between river surface water and sediments using metagenomic approach. *Ecotoxicology and Environmental Safety*. 2018 Oct;161:64–9.
- 39 Calero-Cáceres W, Méndez J, Martín-Díaz J, Muniesa M. The occurrence of antibiotic resistance genes in a Mediterranean river and their persistence in the riverbed sediment. *Environmental Pollution*. 2017 Apr;223:384–94.
- 40 Michaelis C, Grohmann E. Horizontal Gene Transfer of Antibiotic Resistance Genes in Biofilms. *Antibiotics* [Internet]. 2023 Feb 4;12(2):328. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC9952180/>
- 41 Zheng Z, Wang X, Zhang W, Wang L, Lyu H, Tang J. Regulation of ARGs abundance by biofilm colonization on microplastics under selective pressure of antibiotics in river water environment. *Journal of environmental management*. 2024 Mar 1;355:120402– 2.
- 42 Calderón WV, Bonnelly R, Del Rosario C, Duarte A, Baraúna R, Ramos RT, et al. Distribution of Beta-Lactamase Producing Gram-Negative Bacterial Isolates in Isabela River of Santo Domingo, Dominican Republic. *Frontiers in Microbiology*. 2021 Jan 13;11.
- 43 Sugita K, Aoki K, Komori K, Nagasawa T, Ishii Y, Iwata S, et al. Molecular Analysis of bla KPC-2 -Harboring Plasmids: Tn 4401a Interplasmid Transposition and Tn 4401a -Carrying ColRNAI Plasmid Mobilization from *Klebsiella pneumoniae* to *Citrobacter europaeus* and *Morganella morganii* in a Single Patient. *Castanheira M, editor. mSphere*. 2021 Dec 22;6(6).

Recebido em / Received: 30/8/2025
Aceito em / Accepted: 28/10/2025

Este artigo compõe a Seção Temática "Saúde e Meio Ambiente na Pan-Amazônia: Ciência, Território e Resistência em tempos de crise climática" em alusão à 30ª Conferência das Nações Unidas sobre Mudanças Climáticas (COP 30).

Como citar este artigo / How to cite this article:

Oliveira APG, Graças DA, Baraúna RA, Silva ALC. Expressiva abundância e diversidade de genes de resistência a antibióticos durante o inverno amazônico no lago da Usina Hidrelétrica de Tucuruí, estado do Pará, Brasil. *Rev Pan Amaz Saude*. 2025;16:e202501779. Doi: <https://doi.org/10.5123/S2176-6223202501779>