doi: 10.5123/S2176-6223202501785

Composição microbiana da Praia do Amor, Ilha de Caratateua, Distrito de Outeiro, estado do Pará, Brasil

Microbial composition of Praia do Amor Beach, Caratateua Island, Outeiro District, Pará State, Brasil

Carolina Costa Monteiro[1], Estérfane Monique de Oliveira Santos[2], Danielle Rodrigues de Deus[3], Dielle Monteiro Teixeira[4], Bruno Santana Carneiro[5], Luana Silva Soares[4], Mônica Cristina de Moraes Silva[2], Jones Anderson Monteiro Siqueira[2]

[1] *Centro Universitário Metropolitano da Amazônia, Curso de Bacharelado em Biomedicina, Belém, Pará, Brasil*
[2] *Instituto Evandro Chagas, Seção de Virologia, Laboratório de Virologia Ambiental, Ananindeua, Pará, Brasil*
[3] *Instituto Evandro Chagas, Seção de Virologia, Laboratório de Bioinformática, Ananindeua, Pará, Brasil*
[4] *Instituto Evandro Chagas, Seção de Virologia, Laboratório de Vírus Gastroentéricos, Ananindeua, Pará, Brasil*
[5] *Instituto Evandro Chagas, Seção de Meio Ambiente, Laboratório de Microbiologia Ambiental, Ananindeua, Pará, Brasil*

RESUMO

A disseminação viral em ambientes aquáticos é ampla e frequentemente supera a abundância bacteriana. No Brasil, a avaliação da qualidade das águas doces destinadas à recreação baseia-se em indicadores bacterianos, como os coliformes termotolerantes, que apresentam baixa especificidade para contaminação humana e risco viral. A Ilha de Caratateua, na Região Metropolitana de Belém, Pará, é um balneário popular, porém marcado pela ausência de saneamento básico e pelo despejo direto de esgoto nas praias, o que eleva os riscos à saúde pública. OBJETIVO: Avaliar a diversidade viral e microbiana da Praia do Amor, localizada na Ilha de Caratateua, Distrito de Outeiro, Pará, durante um período de monitoramento mensal, entre outubro de 2023 e setembro de 2024. MATERIAIS E MÉTODOS: Foram realizadas coletas mensais entre outubro de 2023 e setembro de 2024. A detecção viral foi conduzida por reação em cadeia da polimerase (PCR), e a caracterização metagenômica, por sequenciamento de nova geração. RESULTADOS: Detectou-se *CrAssfago* em 91,6% das amostras, rotavírus em 41,6%, e astrovírus e adenovírus em 8,3%. A análise do microbioma revelou 13 famílias virais, com destaque para *Kyanoviridae*, *Straboviridae* e *Autographviridae*, e 521 famílias bacterianas, sendo *Vibrionaceae*, *Microbacteriaceae* e *Pseudomonadaceae* as mais prevalentes. CONCLUSÃO: Os resultados indicam expressiva contaminação fecal de origem humana nas águas da Praia do Amor, evidenciando a necessidade urgente de melhorias no saneamento básico dos arredores para proteger a saúde pública e o ecossistema local.

Palavras-chave: Metagenômica; Viroma; Doenças Transmitidas pela Água; Ecossistema Amazônico.

ABSTRACT

Viral dissemination in aquatic environments is extensive and often exceeds bacterial abundance. In Brazil, the assessment of the quality of freshwater used for recreation is based on bacterial indicators, such as thermotolerant coliforms, which show low specificity for human contamination and viral risk. Caratateua Island, located in the Metropolitan Region of Belém, Pará, is a popular bathing area but is marked by the absence of basic sanitation and the direct discharge of sewage into beaches, increasing public health risks. OBJECTIVE: To evaluate the viral and microbial diversity of Praia do Amor Beach, located on Caratateua Island, Outeiro District, Pará, during a monthly monitoring period between October 2023 and September 2024. MATERIALS AND METHODS: Monthly sampling was conducted between October 2023 and September 2024. Viral detection was performed by polymerase chain reaction (PCR), and metagenomic characterization was carried out by next-generation sequencing. RESULTS: *CrAssphage* was detected in 91.6% of samples, rotavirus in 41.6%, and astrovirus and adenovirus in 8.3%. Microbiome analysis revealed 13 viral families, mainly *Kyanoviridae*, *Straboviridae*, and *Autographviridae*, and 521 bacterial families, with *Vibrionaceae*, *Microbacteriaceae*, and *Pseudomonadaceae* being the most prevalent. CONCLUSION: The results indicate significant fecal contamination of human origin in the waters of Praia do Amor Beach, highlighting the urgent need for improved sanitation in the surrounding area to protect public health and the local ecosystem.

Keywords: Metagenomics; Virome; Waterborne Diseases; Amazonian Ecosystem.

Nota: O presente estudo é oriundo do Projeto de Iniciação Científica (PIBIC/IEC/CNPq) e do Trabalho de Conclusão de Curso da biomédica Carolina Costa Monteiro, intitulado "*Investigação viral em amostras de água de praia da Ilha de Caratateua, Distrito de Outeiro, Pará*", sob orientação do Prof. Jones A. M. Siqueira. O trabalho foi defendido e aprovado em setembro de 2025, durante o XXX Seminário do PIBIC IEC/CENP e na Faculdade de Biomedicina do Centro Universitário Metropolitano da Amazônia (UNIFAMAZ).

Correspondência / Correspondence:
Jones Anderson Monteiro Siqueira
Instituto Evandro Chagas (SVSA/MS), Seção de Virologia, Laboratório de Virologia Ambiental.
Rodovia BR-316, km 7, s/n, CEP: 67030-000. Bairro: Levilândia – Ananindeua, Pará, Brasil.
E-mail: jonessiqueira@iec.gov.br

INTRODUÇÃO

A disseminação de vírus em ambientes aquáticos é ampla e diversificada, e seu elevado potencial de contaminação tem sido descrito como superior aos níveis de abundância de populações bacterianas[1]. No Brasil, a avaliação da qualidade de matrizes de água doce de classe 2, destinadas à recreação de contato primário, é regulamentada pela Resolução CONAMA nº 357, de 17 de março de 2005, enquanto a normatização da balneabilidade de corpos hídricos é estabelecida pela Resolução CONAMA nº 274, de 29 de novembro de 2000, baseada exclusivamente na presença de coliformes termotolerantes[2,3]. Entretanto, esses indicadores apresentam baixa especificidade para identificar contaminação de origem humana e limitada correlação com o risco de exposição a agentes virais nocivos à saúde[4].

A Ilha de Caratateua constitui uma importante região balneária, especialmente devido à sua proximidade com o centro da capital paraense, gerando impactos positivos para a economia local. Contudo, observa-se a presença de numerosas galerias de esgoto ao longo de sua costa, o que pode resultar em elevados índices de contaminação provenientes do lançamento de dejetos nas águas das praias. Tal cenário representa risco à saúde da população que utiliza essas águas para atividades recreativas ou de consumo, uma vez que o despejo de esgoto é uma das principais fontes de poluição de ambientes aquáticos[5,6].

De acordo com o Instituto Trata Brasil[7], a cidade de Belém, estado do Pará, apresenta um quadro alarmante em relação ao saneamento básico e ao tratamento de esgoto. O levantamento aponta que 80,1% da população belenense não dispõe de coleta de esgoto, sendo que apenas 2,4% têm acesso a esse serviço. Em 2022, foram registradas 1.244 internações e seis óbitos diretamente relacionados a doenças de veiculação hídrica, evidenciando as condições precárias de esgotamento sanitário na região[7].

Esse cenário reflete a realidade observada na Região Amazônica como um todo. Dados disponibilizados pelo Governo Federal, por meio do Sistema Nacional de Informações sobre Saneamento (SNIS), indicam que, em 2022, apenas 14,7% da população total da Região Norte possuía cobertura por redes de esgoto e 64,2% apresentavam tratamento adequado de águas residuais. Esses valores são consideravelmente inferiores à média nacional de 56% e 84,9%, respectivamente, o que enfatiza a situação de precariedade sanitária nessa região do país. Esses dados evidenciam a vulnerabilidade da população amazônica em relação ao panorama nacional, visto que essas condições estão associadas à ampla circulação de patógenos e ao aumento expressivo dos riscos de desenvolvimento de diversas doenças de veiculação hídrica[9].

A realidade de saneamento à qual a população belenense e amazônica está sujeita torna-se ainda mais crítica quando se considera o contexto das mudanças climáticas. Alterações no clima, especialmente associadas ao aquecimento global, têm provocado variações significativas nos padrões de temperatura e precipitação na Região Norte, resultando no aumento de eventos extremos, como chuvas intensas e inundações, que, somadas às condições precárias de tratamento sanitário, intensificam a exposição comunitária a diversas doenças[10,11].

A presença de vírus entéricos em diferentes tipos de águas, incluindo as recreacionais como mar, lagoas e rios, é resultado direto do impacto antrópico associado ao saneamento deficitário, revelando riscos de exposição dos banhistas a doenças de veiculação hídrica[8,12]. Análises realizadas em praias estuarinas indicaram valores superiores aos previamente relatados no país em investigações sobre a disseminação viral em outros ambientes aquáticos[13,14]. Esses dados reforçam a relevância epidemiológica da circulação de vírus patogênicos em águas recreacionais, especialmente considerando que a legislação brasileira não contempla, de modo rotineiro, a pesquisa de vírus entéricos na água devido ao procedimento laboratorial demandar infraestrutura adequada, recursos humanos capacitados e insumos de alto valor para o diagnóstico.

Até onde se tem conhecimento, não foram conduzidos estudos epidemiológicos robustos voltados à investigação de agentes virais e bacterianos nas águas recreacionais da Praia do Amor, localizada na Ilha de Caratateua, Distrito de Outeiro, Belém, estado do Pará. Considerando o lançamento irregular de esgoto doméstico não tratado das residências do entorno diretamente nos corpos hídricos, o presente estudo teve como objetivo caracterizar a diversidade viral e bacteriana desse importante balneário da Região Metropolitana de Belém.

MATERIAIS E MÉTODOS

ASPECTOS ÉTICOS E NATUREZA DO ESTUDO

Trata-se de um estudo descritivo e transversal que não envolveu diretamente seres humanos ou animais, não sendo, portanto, necessária a aprovação por comitê de ética, conforme previsto no artigo 26 da Resolução Brasileira nº 674/2022, inciso X, que dispõe sobre pesquisas científicas dispensadas de registro ético no território nacional.

ÁREA DE ESTUDO

A Praia do Amor (Figura 1) está localizada na Ilha de Caratateua, uma das 26 ilhas que compõem o Distrito Administrativo de Outeiro (DAOUT), o qual possui sete praias. A área situa-se a aproximadamente 30 km a nordeste do centro de Belém, estado do Pará, sendo abastecida pela Bacia do Outeiro e pela Baía do Guajará, com desembocadura na Ilha do Marajó[15,16]. Caratateua dispõe de acesso por via fluvial e rodoviária, o que favorece sua procura, especialmente aos finais de semana e no período de veraneio. É a ilha mais populosa entre as que circundam a capital paraense, com cerca de 80 mil habitantes[17].

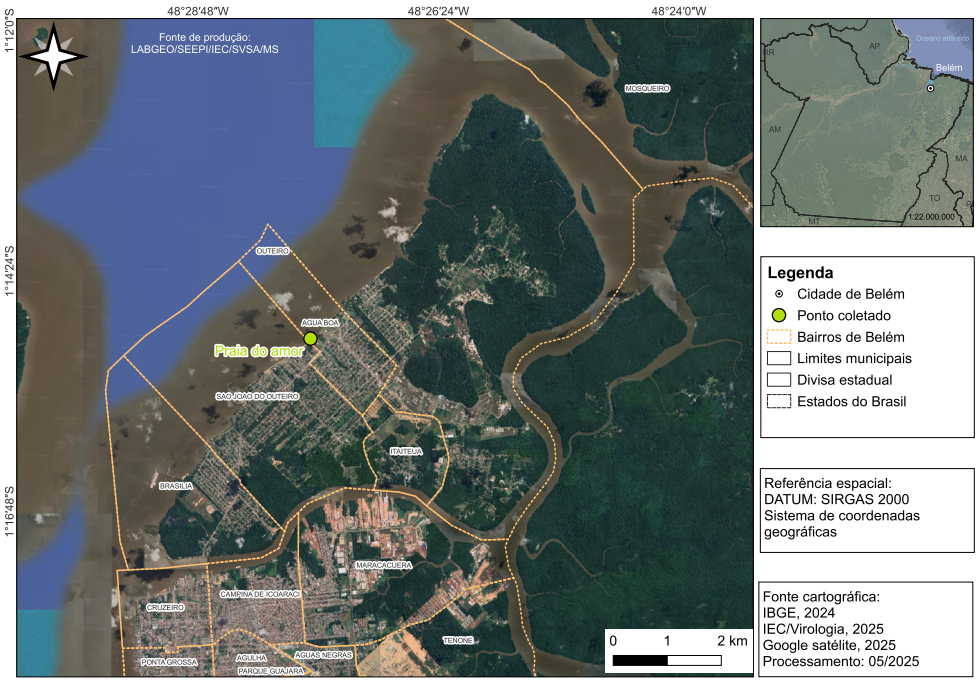

Figura 1 – Mapa da região da Praia do Amor, com indicação do ponto de coleta de água na Ilha de Caratateua, Belém, estado do Pará

COLETA DE AMOSTRAS

O monitoramento foi realizado mensalmente entre agosto de 2023 e julho de 2024, totalizando 12 amostras. As coletas foram realizadas a aproximadamente quatro metros da margem, à altura do joelho, utilizando frascos de polipropileno esterilizados, com capacidade de 1 L. As amostras foram mantidas sob refrigeração (4–10 °C) desde o transporte até o processamento laboratorial.

CONCENTRAÇÃO AMOSTRAL E EXTRAÇÃO DE ÁCIDOS NUCLEICOS

A partir de 1 L de cada amostra, a concentração de partículas virais e bacterianas foi realizada por meio do método de floculação orgânica com leite desnatado acidificado, adaptado de Calgua et al.[18]. A extração do material genético (RNA ou DNA) foi realizada com o kit comercial Maxwell® RSC PureFood GMO and Authentication (Promega, EUA), utilizando *beads* magnéticas no extrator automatizado Maxwell® 16 (Promega, EUA), conforme as instruções do fabricante.

ENSAIOS PARA DETECÇÃO VIRAL

A detecção de rotavírus (RV), enterovírus (EV), adenovírus (AdV), astrovírus (AstV), sapovírus (SaV), parechovírus (HPeV), aichivírus (AiV), cosavírus (HCosV) e CrAssfago foi realizada por reação em cadeia da polimerase quantitativa (qPCR) ou reação em cadeia da polimerase quantitativa com transcrição reversa (RT-qPCR), utilizando o kit GoTaq® Probe 1-Step RT-qPCR System (Promega, EUA). O ensaio para AstV foi conduzido na plataforma CFX96™ Real-Time System (Bio-Rad®), enquanto os demais foram processados na plataforma QuantStudio™ 5 (Applied Biosystems®).

Para os vírus de RNA, os parâmetros de termociclagem foram: 45 °C por 15 min (transcrição reversa), 95 °C por 2 min (ativação da polimerase), seguido de 40 ciclos de 95 °C por 15 s (desnaturação) e 60 °C por 1 min (anelamento/extensão). Os conjuntos de *primers* e sondas foram:

- RV – NSP3F, NSP3R e NSP3S (VIC/NONE)[19];
- AstV – AstVF, AstVR e Astro Probe (HEX/NONE)[20];
- SaV – SAV1F, SAV124F, SAV5F, SAV1245R e SAV5TP/SAV124TP (FAM/NFQ)[21];
- EV – EVRealT(S), EVRealT(A) e PanEV (FAM/MGB)[22].

Para HPeV, AiV e HCosV, os parâmetros foram: 45 °C por 10 min (transcrição reversa), 95 °C por 10 min (ativação da polimerase), seguido de 50 ciclos de 95 °C por 15 s (desnaturação), 50 °C por 30 s (anelamento/extensão) e 72 °C por 10 s (extensão final). Os conjuntos de *primers* e sondas foram:

- HPeV – AN345, AN257, AN344 e Parecho Probe (HEX/VIC-MGB)[23,24];
- AiV – AN491, AN492, AN493 e Coba/Sali Probe (FAM-MGB)[20,22];
- HCosV – AN456, AN458, AN459 e Cosa Probe (FAM/MGB)[23,25].

Para os vírus de DNA, suprimiu-se a etapa de transcrição reversa, mantendo os parâmetros de ciclagem a partir da ativação da polimerase:

- *CrAssfago* – 056F1-Cross, 056R1-Cross e 056P1-Cross (FAM/MGB)[26];
- AdV – AdF, AdR e Ad Probe (FAM/TAMRA)[27].

A detecção de SARS-CoV-2 foi realizada por RT-qPCR com o kit molecular Inf A/Inf B/SC2 (Bio-Manguinhos, Brasil), cujos *primers* e sondas são fornecidos pelo fabricante. As reações foram

realizadas na plataforma CFX96™ Real-Time System (Bio-Rad®), com os seguintes parâmetros: 50 °C por 15 min (transcrição reversa), 95 °C por 2 min (ativação da polimerase) e 40 ciclos de 95 °C por 20 s (desnaturação) e 58 °C por 30 s (anelamento/extensão).

A detecção de HBoV foi conduzida por Nested PCR, utilizando os *primers* PANBOCAF1 e PANBOCAR1 na primeira reação, e PANBOCAF2 e PANBOCAR2 na segunda, conforme Kapoor et al.[28]. Os parâmetros foram: 95 °C por 5 min (desnaturação inicial); 10 ciclos de 95 °C por 35 s (desnaturação), 58 °C por 1 min (anelamento) e 72 °C por 1 min (extensão); seguidos de 30 ciclos de 95 °C por 30 s, 54 °C por 45 s e 72 °C por 40 s; e 72 °C por 10 min (extensão final).

ENSAIOS DE GENOTIPAGEM

A genotipagem foi realizada apenas para as amostras positivas nos ensaios de triagem viral. Para RV, aplicou-se RT-PCR *in house*, seguida de Nested PCR[29], utilizando, respectivamente, os *primers* N-VP7F1/N-VP7R1 e N-VP7F2/N-VP7R2. A reação foi conduzida em três etapas sob os seguintes parâmetros:

Síntese de cDNA: desnaturação a 97 °C por 5 min, seguida de resfriamento a 0 °C por 5 min e incubação a 42 °C por 60 min;

Amplificação por PCR: 95 °C por 2 min (desnaturação inicial), 35 ciclos de 94 °C por 30 s (desnaturação), 50 °C por 30 s (anelamento) e 72 °C por 45 s (extensão), com extensão final a 72 °C por 7 min;

Amplificação por Nested PCR: 95 °C por 5 min (desnaturação inicial), 35 ciclos de 94 °C por 10 s, 48 °C por 20 s e 72 °C por 30 s, finalizando com 72 °C por 5 min (extensão final).

Para AdV, empregaram-se os *primers* S29 e S52[30], com os seguintes parâmetros: 94 °C por 5 min (desnaturação inicial); 35 ciclos de 94 °C por 30 s, 56,1 °C por 1 min e 72 °C por 1 min; e extensão final a 72 °C por 7 min.

Para AstV, utilizou-se PCR One-Step (kit SuperScript™ III One-Step RT-PCR System with Platinum™ *Taq* DNA Polymerase, Invitrogen™) com os *primers* Mon269 e Mon270[31]. O RNA extraído foi inicialmente desnaturado com dimetilsulfóxido (DMSO) a 97 °C por 7 min e resfriado em gelo (0 °C por 2 min). Os parâmetros da PCR foram: 45 °C por 30 min (síntese de cDNA), 94 °C por 2 min (desnaturação), 40 ciclos de 94 °C por 15 s, 55 °C por 30 s e 68 °C por 1 min (amplificação), seguidos de 68 °C por 5 min (extensão final).

SEQUENCIAMENTO DE NUCLEOTÍDEOS

Os produtos de PCR foram purificados com o kit MEGAquick-spin™ Total Fragment DNA Purification (Intron Biotechnology®) e submetidos ao sequenciamento capilar com o kit BigDye™ Terminator v3.1 Cycle Sequencing (Applied Biosystems®, EUA), conforme as instruções do fabricante. Após precipitação com isopropanol e etanol a 70%, as amostras foram ressuspensas em formamida Hi-Di™ (Applied Biosystems®) e analisadas no sequenciador automático ABI Prism® 3130XL DNA Sequencer Genetic Analyzer (Applied Biosystems®). As sequências obtidas foram editadas e alinhadas no Geneious v.8.1.7[32] e comparadas com dados do GenBank via BLAST.

ANÁLISE METAGENÔMICA

As amostras foram agrupadas em *pool* (30 pmol) e submetidas à síntese de cDNA de primeira fita (SuperScript™ VILO™ cDNA Synthesis, Invitrogen™) e de segunda fita (Second Strand cDNA Synthesis, Invitrogen™). As bibliotecas genômicas foram preparadas com o kit Ion Xpress™ Plus Fragment Library (Thermo Fisher Scientific®), avaliadas por fluorometria (Qubit™ dsDNA HS, Thermo Fisher Scientific®) e por eletroforese automatizada (2100 Bioanalyzer, Agilent®).

As bibliotecas foram quantificadas (Ion Library TaqMan™ Quantitation, Thermo Fisher Scientific®), diluídas a 100 pmol, enriquecidas e carregadas no chip de sequenciamento via Ion Chef™, com sequenciamento na plataforma Ion GeneStudio™ S5 (Thermo Fisher Scientific®).

ANÁLISE DE DADOS

As leituras obtidas no sequenciamento de nova geração foram processadas para remoção de adaptadores e filtragem de baixa qualidade com o fastp[33]. A montagem *de novo* foi realizada no MEGAHIT v.1.2.9[34]. A classificação taxonômica foi feita no Kraken2[35], com a base de dados PlusPFP-16, e os resultados visualizados no Krona Tools[36]. As análises e a construção de gráficos foram realizadas no pacote ggplot2, no ambiente R[37].

Todos os softwares foram utilizados com seus parâmetros padrão. As leituras brutas estão disponíveis no Sequence Read Archive (SRA) do NCBI sob os seguintes registros: Bioproject (PRJNA1308617), Biosample (SAMN50705899) e SRA (SRR35054417).

RESULTADOS

As amostras foram consideradas positivas na RT-qPCR ou qPCR quando apresentaram cycle threshold (CT) inferior a 40 e curvas de amplificação sigmoides características (Tabela 1). O *CrAssfago* foi o agente de maior prevalência, detectado em 91,6% (11/12) das amostras analisadas. Também foram identificados RV em 41,6% (5/12) e AstV e AdV em 8,3% (1/12) das amostras, respectivamente (Figura 2). Não houve detecção de AiV, HPeV, HCosV, SARS-CoV-2, EV ou HBoV em nenhuma das amostras avaliadas.

A análise temporal da contaminação indicou presença do *CrAssfago* em todos os meses do monitoramento, exceto em outubro de 2023. Os RV foram detectados de outubro de 2023 a março de 2024, com ausência apenas em dezembro de 2023. O AstV e o AdV foram identificados em fevereiro e junho de 2024, respectivamente. Em fevereiro de 2024, registrou-se co-detecção de RV, AstV e *CrAssfago* (Figura 3). A genotipagem viral por sequenciamento de nucleotídeos não foi possível devido à baixa qualidade dos *amplicons* obtidos por PCR convencional.

Tabela 1 – Valores de detecção obtidos por PCR em tempo real para os agentes virais identificados em amostras de água superficial da Praia do Amor, Ilha de Caratateua, Belém, estado do Pará

Amostra	CrAssfago (CT)	Rotavírus (CT)	Astrovírus (CT)	Adenovírus (CT)
PT18 – 27/10/2023	–	38,09	–	–
PT18 – 24/11/2023	35,99	38,18	–	–
PT18 – 18/12/2023	37,55	–	–	–
PT18 – 29/01/2024	37,66	37,75	–	–
PT18 – 23/02/2024	34,35	38,99	38,42	–
PT18 – 15/03/2024	35,78	38,14	–	–
PT18 – 12/04/2024	37,43	–	–	–
PT18 – 17/05/2024	33,38	–	–	–
PT18 – 21/06/2024	32,88	–	–	37,40
PT18 – 22/07/2024	35,45	–	–	–
PT18 – 20/08/2024	32,72	–	–	–
PT18 – 17/09/2024	35,72	–	–	–

CT: *Cycle threshold*

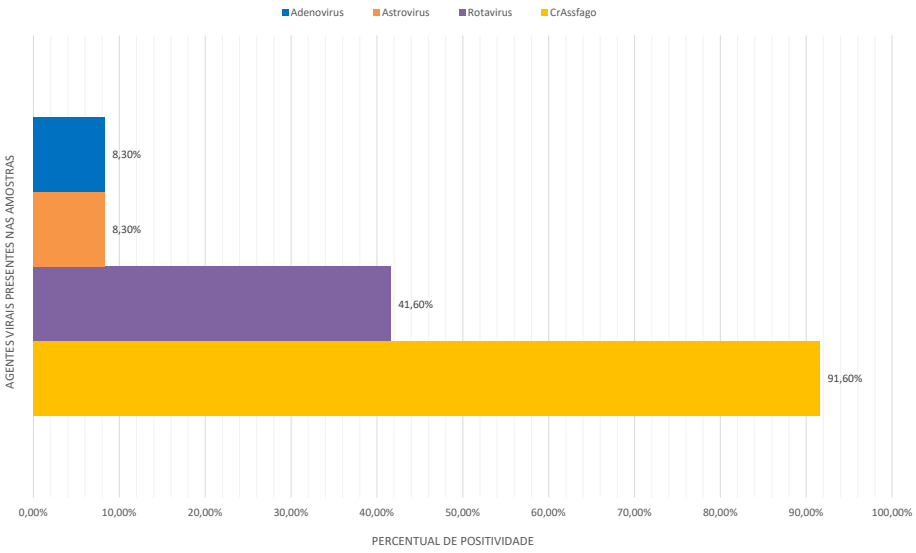

Figura 2 – Prevalência dos agentes virais detectados nas águas superficiais da Praia do Amor, Ilha de Caratateua, Belém, estado do Pará

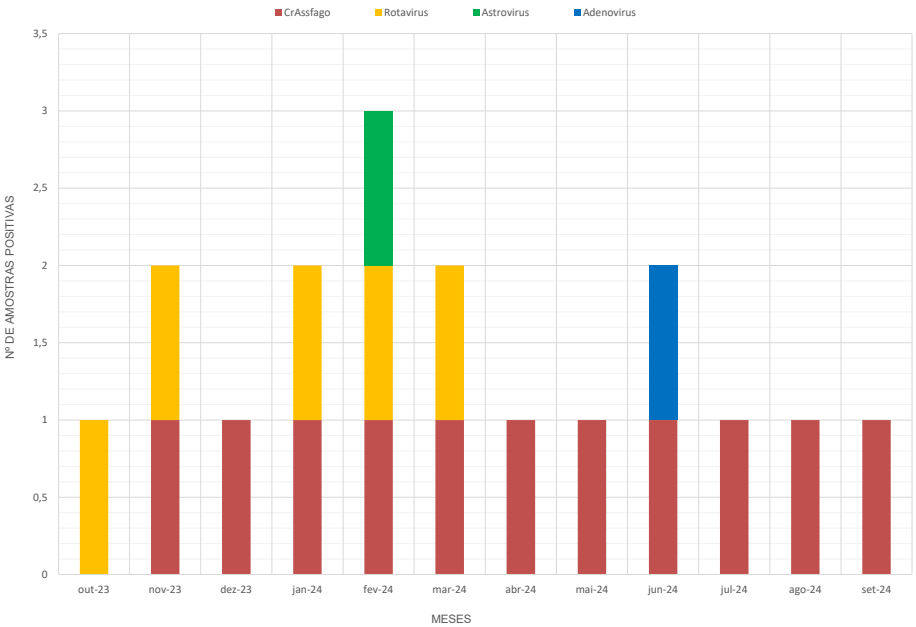

Figura 3 – Flutuação temporal dos agentes virais detectados nas águas superficiais da Praia do Amor, Ilha de Caratateua, Belém, estado do Pará

A abordagem metagenômica permitiu identificar 13 famílias virais, totalizando 184 *reads*. As mais prevalentes foram *Kyanoviridae*, responsável por 53,9% das leituras (99 *reads*), seguida de *Autographviridae* (23,3%; 43 *reads*) e *Straboviridae* (14,7%; 27 *reads*). Entre as famílias menos frequentes, cinco apresentaram apenas uma *read* cada (Figura 4).

Quanto às bactérias, foram detectadas 521 famílias, totalizando 222.865 *reads*. As famílias mais prevalentes foram *Vibrionaceae* (14,35%; 31.896 *reads*), *Microbacteriaceae* (13,37%; 29.811 *reads*) e *Pseudomonadaceae* (13,08%; 29.153 *reads*). No total, 275 famílias apresentaram 10 ou menos *reads*, sendo que, entre estas, 49 foram representadas por apenas uma *read* (Figura 5).

O conjunto de dados apresentou número total de pares de leitura igual a 2.721,045, percentual de leituras descartadas inferior a 1% (0,735370565), comprimento médio de leitura de 184,6 pb, N50 de 431 pb, tamanho máximo de *contigs* de 12.889 pb e volume total de dados gerados de 1,02 Gb.

DISCUSSÃO

A infraestrutura da Ilha de Caratateua é precária e carece de saneamento básico para a maior parte da população. É comum observar o despejo de esgoto diretamente nas praias, aliado ao acúmulo de resíduos deixados por banhistas. Esse cenário se agrava durante os períodos de férias e alta visitação, quando há maior geração de resíduos e sobrecarga do ambiente costeiro. Tal situação preocupa especialmente quanto ao monitoramento de patógenos nas águas, considerando que a maioria das residências está próxima ao litoral e que a região é intensamente utilizada tanto por moradores quanto por visitantes, tendo importância central para as atividades comerciais locais, sustentadas pelo turismo balneário[17,38].

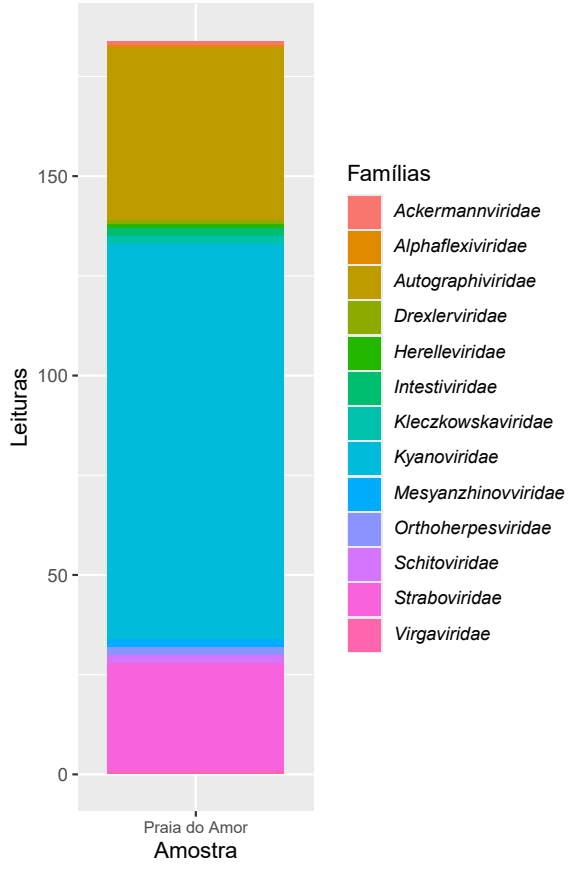

Figura 4 – Mapa de calor das famílias virais identificadas por sequenciamento de nova geração (*next-generation sequencing* – NGS) nas águas superficiais da Praia do Amor, Ilha de Caratateua, Belém, estado do Pará

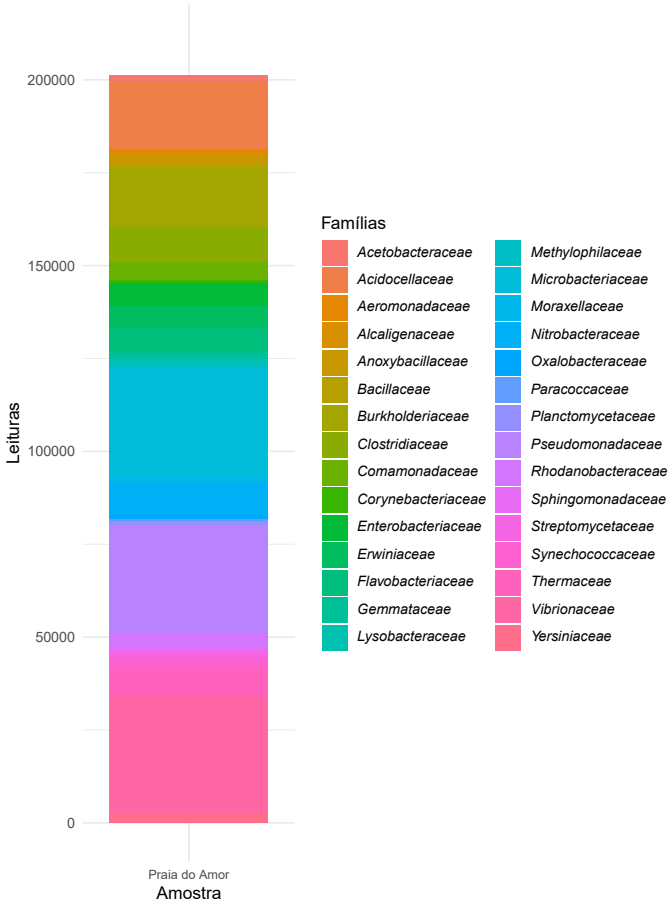

Figura 5 – Mapa de calor das famílias bacterianas identificadas por sequenciamento de nova geração (*next-generation sequencing* – NGS) nas águas superficiais da Praia do Amor, Ilha de Caratateua, Belém, estado do Pará

Resultados referentes aos indicadores microbiológicos, parâmetros físico-químicos e metais foram obtidos a partir de uma única amostra, coletada ao final da série de monitoramento, com o objetivo de estimar a magnitude dos riscos à qualidade da água da Praia do Amor para além das análises realizadas no presente estudo. Esses resultados, ainda não publicados, apontam a necessidade de um monitoramento mais abrangente, a fim de assegurar a segurança do uso dessas águas para recreação e consumo.

A análise de metais revelou valores dentro dos limites máximos recomendados pela Resolução CONAMA nº 357/2005[2], que estabelece os padrões de qualidade para corpos d'água doce de classe 2, destinados à recreação de contato primário. Dessa forma, indicou que, no mês analisado, a Praia do Amor não apresentou indícios de contaminação significativa, sendo classificada como própria para uso recreativo, segundo a referida resolução. Contudo, a análise foi restrita a um único período, o que limita sua representatividade frente ao quadro real de contaminação, especialmente em um ambiente sujeito a múltiplas fontes poluidoras e elevado fluxo turístico. Para uma avaliação mais robusta, é essencial realizar monitoramentos periódicos, pois o acúmulo de metais pode estar associado a fatores sazonais, climáticos e antropogênicos, e sua ausência em coletas pontuais não garante a inexistência de exposição prolongada[39].

As análises físico-químicas também permaneceram dentro da faixa prevista pela resolução, exceto para o nitrito, cujo valor (0,32 mg/L) superou o limite de referência (≤ 0,07 mg/L). Esse achado sugere desequilíbrio no ciclo do nitrogênio, possivelmente associado ao lançamento de esgoto doméstico e ao acúmulo de matéria orgânica. Tais condições podem comprometer a atividade bacteriana responsável pela oxidação do nitrito em nitrato, favorecendo seu acúmulo[40-42]. O nitrito, por ser fotoativo, pode gerar radicais hidroxila, influenciando processos químicos relevantes em ecossistemas aquáticos[43-45].

Do ponto de vista toxicológico, o nitrito atua como oxidante da hemoglobina e está relacionado a riscos à saúde humana, como metemoglobinemia e potenciais efeitos carcinogênicos, embora a associação direta com fontes aquáticas ainda não esteja plenamente estabelecida[46-48]. Essas evidências reforçam a importância do monitoramento contínuo e da implementação de medidas de saneamento básico, com vistas à proteção da qualidade da água, dos ecossistemas e da saúde das populações locais[49,50].

A presença de nitrito também pode estar associada à família bacteriana *Pseudomonadaceae*, identificada na análise metagenômica. Em estudo conduzido no aquífero de água doce da *Mobile Bay*, nos Estados Unidos, o predomínio de bactérias dessa família foi relacionado à desnitrificação do ambiente, um potencial amplamente documentado na literatura[51-54].

Na avaliação dos indicadores microbiológicos, observaram-se níveis elevados de coliformes totais (> 2.419,6 NMP/100 mL), coliformes termotolerantes (1.553,1 NMP/100 mL) e *Escherichia coli* (613,10 NMP/100 mL), todos acima dos limites microbiológicos estabelecidos para águas doces pela Resolução CONAMA nº 357/2005[2]. Essas bactérias são bacilos gram-negativos, anaeróbios facultativos, não esporulados e fermentadores de lactose[55]. São amplamente utilizadas no monitoramento da qualidade da água por serem facilmente detectáveis e ocorrerem com frequência em fezes, representando cerca de 10% da microbiota intestinal de mamíferos e aves[56].

As concentrações detectadas para esses indicadores superaram os limites estabelecidos pela legislação, evidenciando contaminação fecal significativa. Tal achado é particularmente preocupante, considerando o intenso uso recreativo da Praia do Amor e sua relevância para o turismo e o comércio local. A presença de *Escherichia coli* em águas recreativas está associada ao aumento do risco de doenças após contato e à maior probabilidade de detecção concomitante de patógenos gastroentéricos[57,58].

De acordo com a Resolução CONAMA nº 274/2000[3], a avaliação da balneabilidade deve ser realizada a partir de, no mínimo, cinco amostras coletadas de forma sequencial e semanal, preferencialmente nos dias de maior afluência de banhistas. Essa exigência visa garantir maior representatividade e confiabilidade dos resultados. No presente estudo, a frequência de coleta não atendeu integralmente a essas recomendações, configurando uma limitação frente às diretrizes normativas oficiais e restringindo a generalização dos achados. Mesmo assim, os dados obtidos oferecem um panorama inicial da qualidade da água na Praia do Amor e reforçam a necessidade de monitoramentos sistemáticos e contínuos na região.

Os bioindicadores empregados neste estudo não permitem distinguir a origem da contaminação, que pode ser proveniente de esgoto doméstico, fezes de animais domésticos ou de fauna silvestre[59]. O rastreamento das fontes é fundamental, considerando o risco sanitário associado a patógenos humanos, à presença de resíduos de antibióticos em dejetos e à limitação desses indicadores para detecção de vírus[26,59].

Os bacteriófagos *CrAssfago*, amplamente detectados neste estudo, são indicadores virais específicos de contaminação fecal humana, dada sua alta especificidade à microbiota intestinal[26,60,61]. Sua elevada prevalência reforça os achados microbiológicos e confirma a origem humana da poluição fecal. A presença de *CrAssfago* em ambientes recreativos já foi documentada em diferentes países[62] e na Amazônia brasileira[60], sendo frequentemente associada à ocupação humana desordenada, à deficiência de saneamento e ao despejo inadequado de esgoto[63].

A detecção de *CrAssfago* em altas frequências representa risco adicional à saúde pública, pois sua presença tem sido correlacionada a vírus patogênicos, como poliomavírus[64] e norovírus[61,65]. Embora o presente estudo não tenha investigado bactérias hospedeiras, a literatura sugere que *CrAssfago* e cianobacteriófagos podem compartilhar habitats e trocar material genético,

o que se alinha à predominância de cianobactérias infectadas por fagos (cianobactérias-fago) observada nas análises metagenômicas, indicando interações ecológicas complexas[60].

O RV foi detectado em 41,6% das amostras analisadas. Em estudos realizados em países em desenvolvimento, foram relatadas prevalências de até 100% no Irã[66] e na Argentina[67], e de 42% e 40% no Uruguai, nos rios Uruguai e Santa Lucía, respectivamente[68]. No Brasil, a detecção variou de 21,1% no estado do Pará[69] a 44,2% em Manaus, estado do Amazonas[12], passando por 25% em rios de Florianópolis, estado de Santa Catarina[70], e 37% no Rio de Janeiro, estado do Rio de Janeiro[14].

Diferenças de prevalência entre estudos podem estar associadas a fatores climáticos, sazonalidade, intensidade de uso das águas, condições de saneamento e metodologias empregadas. Embora a região de Belém, estado do Pará, não apresente estações bem definidas, o clima local distingue-se pelo "inverno amazônico" (dezembro a maio, mais chuvoso) e pelo "verão amazônico" (junho a novembro, mais seco)[71]. No presente estudo, a detecção de RV ocorreu entre outubro e novembro e entre janeiro e março, o que não permite estabelecer padrão sazonal devido ao curto período de monitoramento (apenas um ano).

Os AstV detectados são prevalentes em águas recreativas de países desenvolvidos, como Singapura (100%)[72], Suécia (64%)[73] e França (84%)[74]. Em países em desenvolvimento, a frequência de detecção tende a ser menor, como observado na China (39,1%)[75] e na Tunísia (55%)[76], possivelmente em razão da inibição da amplificação por elevada carga poluente[77].

Embora a prevalência de AdV tenha sido baixa neste estudo, sua ampla presença em águas recreativas no Brasil já foi documentada[8,14,78]. A baixa detecção pode estar relacionada à variação na carga viral, degradação do material genético ou interferência de inibidores moleculares[76,79,80]. A ausência de detecção de outros patógenos virais não exclui sua presença, considerando limitações como baixas concentrações, dispersão hídrica e interferência de inibidores[81,82].

A família *Kyanoviridae*, mais abundante neste estudo, agrupa cianobactérias-fago com genoma de DNA de dupla fita, que infectam principalmente *Synechococcus* e *Prochlorococcus*[83]. Essas cianobactérias são abundantes em ambientes tropicais e desempenham papel essencial nas cadeias alimentares marinhas[84,85]. A alta prevalência de *Kyanoviridae* nas amostras está de acordo com estudos em ecossistemas de água doce[86-88], nos quais o domínio de cianobactérias é amplamente documentado[89-92]. No Brasil, esses fagos já foram detectados em rios amazônicos, como no Itacaiúnas[60], onde foram associados à contaminação fecal humana.

A família *Vibrionaceae* inclui bactérias gram-negativas, anaeróbias facultativas e heterotróficas, conhecidas como "vibriões", amplamente distribuídas em ambientes marinhos e salobros, mas também presentes em águas doces[93,94]. Espécies patogênicas como *Vibrio cholerae*, *Vibrio parahaemolyticus* e *Vibrio vulnificus* são responsáveis, respectivamente, por cólera, gastroenterites e septicemias[95]. Essas bactérias apresentam capacidade de aderir e degradar substratos como quitina e formar biofilmes, o que favorece sua persistência em ambientes aquáticos[96-98].

As interações entre membros da família *Vibrionaceae* e bacteriófagos exercem papel ecológico relevante, controlando populações e modulando a virulência bacteriana. A presença conjunta de vibriões e fagos, como observada neste estudo, pode indicar dinâmica que favorece a manutenção de cepas mais infecciosas[99-101].

Embora a detecção das famílias *Kyanoviridae* e *Vibrionaceae* ofereça contribuições ecológicas relevantes para a compreensão da dinâmica microbiana em águas recreacionais amazônicas, os resultados de sequenciamento não permitem inferências em nível de espécie. Essa limitação decorre da ausência de genomas montados a partir de metagenomas com qualidade e completude suficientes para garantir resolução taxonômica adequada. Assim, as análises e discussões foram propositalmente restritas ao nível de família, assegurando maior rigor científico e evitando interpretações especulativas sobre potenciais funções biológicas ou patogenicidade de espécies específicas sem respaldo genômico consistente.

A diversidade microbiana observada, composta por famílias de bactérias oportunistas, espécies com potencial de biorremediação e vírus indicadores de contaminação fecal, evidencia a complexidade ecológica do ecossistema aquático local. A aplicação da metagenômica foi fundamental para superar as limitações dos métodos tradicionais, permitindo identificar organismos não cultiváveis e oferecer uma visão abrangente dos riscos sanitários e das interações ecológicas. As tecnologias de NGS, em constante avanço, possibilitam a análise de grande parte dos genomas presentes nas amostras e constituem ferramentas essenciais para a compreensão da biodiversidade microbiana[102,103].

Apesar dos resultados deste estudo fornecerem subsídios relevantes para compreender a composição viral e microbiana da praia investigada, algumas limitações metodológicas restringem o alcance das conclusões. A curta duração do monitoramento, limitado a apenas um ano, e o número reduzido de amostras mensais (uma por coleta) comprometem a representatividade temporal e espacial dos dados, dificultando a extrapolação para outros períodos ou áreas adjacentes. Além disso, a ausência de parâmetros complementares — como análises físico-químicas, determinação de metais-traço, monitoramento microbiológico contínuo e avaliação de poluentes emergentes (por exemplo, fármacos e produtos de higiene e limpeza) — reduz a capacidade de caracterizar de forma integrada a qualidade ambiental e sanitária das águas costeiras da ilha.

Para aprimorar futuras avaliações, recomenda-se a ampliação do escopo amostral, incorporando outras praias do entorno e estendendo o período

de monitoramento, com maior frequência de coleta para capturar variações sazonais. Também se sugere o mapeamento detalhado de fossas, sistemas de drenagem e possíveis pontos de lançamento clandestino de esgoto, aliado à coleta de amostras de sedimentos e areia. A realização de amostragens em diferentes fases de maré (baixa e preamar), acompanhadas do registro de variáveis ambientais como vento, ondulação, pluviosidade, temperatura e umidade relativa do ar, proporcionará maior robustez às análises. Tais medidas contribuirão para a geração de dados mais abrangentes e representativos sobre as condições de balneabilidade e a dinâmica ecológica desse importante ecossistema recreativo situado na Região Metropolitana de Belém, estado do Pará.

CONCLUSÕES

Este estudo determinou a diversidade viral e bacteriana nas águas da Praia do Amor, localizada na Ilha de Caratateua, Belém, estado do Pará. Observou-se alta prevalência de vírus *CrAssfago*, o que indica elevada contaminação fecal de origem humana e representa um risco à saúde pública. Esse achado é corroborado pela presença dos patogênicos rotavírus, astrovírus e adenovírus entéricos.

A metagenômica revelou-se essencial para caracterizar a biodiversidade viral e microbiana, identificando famílias que infectam cianobactérias e bactérias intestinais, além de grupos oportunistas, patogênicos e com potencial de biorremediação.

Recomenda-se, portanto, a adoção de medidas efetivas de saneamento ambiental, bem como a realização de monitoramentos periódicos com amostragem espacial mais robusta, a fim de avaliar variações sazonais e impactos antrópicos, contribuindo para a proteção da qualidade da água e da saúde pública.

AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem às Seções Científicas de Virologia e Meio Ambiente do Instituto Evandro Chagas pelo suporte técnico e científico prestado durante o desenvolvimento desta pesquisa, em especial ao Laboratório de Vírus Gastroentéricos, nas pessoas dos doutores Hugo Resque, Sylvia Guerra, Patrícia Lobo e João Victor Souza Rodrigues; ao Laboratório de Enterovírus nas pessoas do doutor Fernando Neto Tavares e Ana Luiza da Mota Raminho; e ao Laboratório de Vírus Respiratórios, sobretudo às doutoras Mirleide Cordeiro dos Santos e Karla Fabiane Lopes de Melo.

Agradecimentos também são devidos aos Laboratórios de Indicadores Físico-Químicos de Qualidade da Água, de Saúde Ambiental e de Virologia Ambiental, nas pessoas doutores Denise Amorim, Amilton da Costa, Neuton Vasconcelos Junior, Elivam Vale, Adaelson Medeiros e Kelson Faial.

Os autores expressam gratidão ao doutor Edivaldo Costa Sousa Junior pelas contribuições na revisão dos dados de metagenômica.

APOIO FINANCEIRO

Esta pesquisa contou com financiamento do Instituto Evandro Chagas, vinculado à Secretaria de Vigilância em Saúde e Ambiente do Ministério da Saúde do Brasil.

Os autores JAMS e DRD foram contemplados com bolsas de pesquisa concedidas pela Fundação para o Desenvolvimento Científico e Tecnológico em Saúde (FIOTEC/FIOCRUZ), vinculadas ao projeto DIREX-003-FIO-24. A autora EMOS recebeu bolsa de pós-graduação da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES).

DECLARAÇÃO DE CONFLITO DE INTERESSES

Os autores declaram não possuir conflitos de interesse relacionados a este trabalho.

CONTRIBUIÇÃO DOS AUTORES

CCM: participou das atividades de campo, análises laboratoriais, interpretação dos resultados e redação inicial do manuscrito; EMOS: processou as amostras para detecção viral; DMT: responsável pelas análises metagenômicas, e DRD: conduziu os procedimentos de bioinformática; BSC: supervisionou as atividades desenvolvidas na Seção de Meio Ambiente; LSS: acompanhou as análises realizadas na Seção de Virologia; MCMS: foi responsável pela gestão geral do projeto; JAMS: coordenou a execução do plano de trabalho, participou das análises laboratoriais, interpretou os dados e contribuiu para a redação e revisão da versão final do artigo.

Todos os autores aprovaram a versão final e assumem responsabilidade integral pelo conteúdo científico do manuscrito.

REFERÊNCIAS

1 Wommack KE, Colwell RR. Virioplankton: viruses in aquatic ecosystems. Microbiol Mol Biol Rev. 2000 Mar;64(1):69-114.

2 Brasil. Conselho Nacional do Meio Ambiente. Resolução CONAMA nº 357, de 17 de março de 2005. Dispõe sobre a classificação dos corpos de água e diretrizes ambientais para o seu enquadramento. Alterada pelas Resoluções nº 410/2009 e nº 430/2011. Diário Oficial da União, Brasília (DF), 2005 mar 18; Seção 1:58-9.

3 Brasil. Conselho Nacional do Meio Ambiente. Resolução CONAMA nº 274, de 29 de novembro de 2000. Define os critérios de balneabilidade em águas brasileiras. Diário Oficial da União, Brasília (DF), 2001 jan 25. Seção 1:70-1.

4 Tiwari A, Oliver DM, Bivins A, Sherchan SP, Pitkänen T. Bathing water quality monitoring practices in Europe and the United States. Int J Environ Res Public Health. 2021 May;18(11):5513.

5 Sekwadi PG, Ravhuhali KG, Mosam A, Essel V, Ntshoe GM, Shonhiwa AM, et al. Waterborne outbreak of gastroenteritis on the KwaZulu-Natal coast, South Africa, December 2016/January 2017. Epidemiol Infect. 2018 Oct;146(10):1318-25.

6 Gibney KB, Sinclair M, O'Toole J, Leder K. Burden of disease attributed to waterborne transmission of selected enteric pathogens, Australia, 2010. Am J Trop Med Hyg. 2017 Jun;96(6):1400-3.

7 Instituto Trata Brasil. Painel de Saneamento Brasil: Município de Belém [Internet]. São Paulo: Instituto Trata Brasil; c2022 [citado 2025 mar 19]. Disponível em: https://www.painelsaneamento.org.br/localidade/compare?id=150140

8 Vieira CB, Abreu Corrêa A, Jesus MS, Luz SL, Wyn-Jones P, Kay D, et al. Viruses surveillance under different season scenarios of the Negro River Basin, Amazonia, Brazil. Food Environ Virol. 2016 Mar;8(1):57-69.

9 Ministério das Cidades (BR). Painel SNIS – Sistema Nacional de Informações sobre Saneamento 2022 [Internet]. Brasília: Ministério das Cidades; c2025 [citado 2025 set 24]. Disponível em: https://www.gov.br/cidades/pt-br/acesso-a-informacao/acoes-e-programas/saneamento/snis/painel

10 Zogahib ALN, Simas DC|S, Norte Filho AF, Norte NNBO, Sales RAC, Lima JS, et al. Mudanças climáticas e seus impactos nas cidades: estudo de caso do fenômeno da seca no Estado do Amazonas, Brasil. Res Soc Dev. 2024;13(9):e9913946940.

11 Kuwajima JI, Santos GR, Fechine VMR, Santana AS. Saneamento no Brasil: proposta de priorização do investimento público. Tex Discuss. 2020;(2614):1-60.

12 Miagostovich MP, Ferreira FF, Guimarães FR, Fumian TM, Diniz-Mendes L, Luz SL, et al. Molecular detection and characterization of gastroenteritis viruses occurring naturally in the stream waters of Manaus, Central Amazônia, Brazil. Appl Environ Microbiol. 2008 Jan;74(2):375-82.

13 Vieira CB, Mendes AC, Guimarães FR, Fumian TM, Leite JP, Gaspar AM, et al. Detection of enteric viruses in recreational waters of an urban lagoon in the city of Rio de Janeiro, Brazil. Mem Inst Oswaldo Cruz. 2012 Sep;107(6):778-84.

14 Victoria M, Fumian TM, Rocha MS, Dalmao F, Leite JP, Girones R, et al. Gastroenteric virus dissemination and influence of rainfall events in urban beaches in Brazil. J Appl Microbiol. 2014 Oct;117(4):1210-8.

15 Belém. Prefeitura Municipal de Belém. Lei nº 7.684, de 12 de janeiro de 1994: Plano Diretor das Ilhas do Caratateua e Mosqueiro e dá outras providências. Belém: PMB; 1994.

16 Prefeitura Municipal de Belém. Anuário estatístico do município de Belém – 2011: caracterização do território. Belém (PA): PMB; 2011.

17 Ferreira AAS. Políticas públicas e turismo: estudo de caso na Ilha de Caratateua (Outeiro), distrito de Belém - PA [monografia]. Belém (PA): Universidade Federal do Pará; 2021. 122 f.

18 Calgua B, Mengewein A, Grunert A, Bofill-Mas S, Clemente-Casares P, Hundesa A, et al. Development and application of a one-step low cost procedure to concentrate viruses from seawater samples. J Virol Methods. 2008 Nov;153(2):79-83.

19 Zeng SQ, Halkosalo A, Salminen M, Szakal ED, Puustinen L, Vesikari T. One-step quantitative RT-PCR for the detection of rotavirus in acute gastroenteritis. J Virol Methods. 2008 Nov;153(2):238-40.

20 Dai YC, Xu QH, Wu XB, Hu GF, Tang YL, Li JD, et al. Development of real-time and nested RT-PCR to detect astrovirus and one-year survey of astrovirus in Jiangmen City, China. Arch Virol. 2010 Apr;155(6):977-82.

21 Oka T, Katayama K, Hansman GS, Kageyama T, Ogawa S, Wu FT, et al. Detection of human sapovirus by real-time reverse transcription-polymerase chain reaction. J Med Virol. 2006 Aug;78(10):1347-53.

22 Kilpatrick DR, Yang CF, Ching K, Vincent A, Iber J, Campagnoli R, et al. Rapid group-, serotype-, and vaccine strain-specific identification of poliovirus isolates by real-time reverse transcription PCR using degenerate primers and probes containing deoxyinosine residues. J Clin Microbiol. 2009 Jun;47(6):1939-41.

23 Nix WA, Maher K, Pallansch MA, Oberste MS. Parechovirus typing in clinical specimens by nested or semi-nested PCR coupled with sequencing. J Clin Virol. 2010 Jul;48(3):202-7.

24 Oberste MS, Peñaranda S, Rogers SL, Henderson E, Nix WA. Comparative evaluation of Taqman real-time PCR and semi-nested VP1 PCR for detection of enteroviruses in clinical specimens. J Clin Virol. 2010 Sep;49(1):73-4.

25 Nix WA, Maher K, Johansson ES, Niklasson B, Lindberg AM, Pallansch MA, et al. Detection of all known parechoviruses by real-time PCR. J Clin Microbiol. 2008 Aug;46(8):2519-24.

26 Stachler E, Kelty C, Sivaganesan M, Li X, Bibby K, Shanks OC. Quantitative crassphage PCR assays for human fecal pollution measurement. Environ Sci Technol. 2017 Aug;51(16):9146-54.

27 Hernroth BE, Conden-Hansson AC, Rehnstam-Holm AS, Girones R, Allard AK. Environmental factors influencing human viral pathogens and their potential indicator organisms in the blue mussel, *Mytilus edulis*: the first Scandinavian report. Appl Environ Microbiol. 2002 Sep;68(9):4523-33.

28 Kapoor A, Simmonds P, Slikas E, Li L, Bodhidatta L, Sethabutr O, et al. Human bocaviruses are highly diverse, dispersed, recombination prone, and prevalent in enteric infections. J Infect Dis. 2010 Jun;201(11):1633-43.

29 Mijatovic-Rustempasic S, Esona MD, Williams AL, Bowen MD. Sensitive and specific nested PCR assay for detection of rotavirus A in samples with a low viral load. J Virol Methods. 2016 Oct;236:41-6.

30 Li L, Shimizu H, Doan LT, Tung PG, Okitsu S, Nishio O, et al. Characterizations of adenovirus type 41 isolates from children with acute gastroenteritis in Japan, Vietnam, and Korea. J Clin Microbiol. 2004 Sep;42(9):4032-9.

31 Noel JS, Lee TW, Kurtz JB, Glass RI, Monroe SS. Typing of human astroviruses from clinical isolates by enzyme immunoassay and nucleotide sequencing. J Clin Microbiol. 1995 Apr;33(4):797-801.

32 Kearse M, Moir R, Wilson A, Stones-Havas S, Cheung M, Sturrock S, et al. Geneious Basic: an integrated and extendable desktop software platform for the organization and analysis of sequence data. Bioinformatics. 2012 Jun;28(12):1647-9.

33 Chen S, Zhou Y, Chen Y, Gu J. Fastp: an ultra-fast all-in-one FASTQ preprocessor. Bioinformatics. 2018 Sep;34(17):i884–i890.

34 Li D, Luo R, Liu CM, Leung CM, Ting HF, Sadakane K, et al. MEGAHIT v1.0: a fast and scalable metagenome assembler driven by advanced methodologies and community practices. Methods. 2016 Jun;102:3-11.

35 Wood DE, Lu J, Langmead B. Improved metagenomic analysis with Kraken 2. Genome Biol. 2019 Nov;20:257.

36 Ondov BD, Bergman NH, Phillippy AM. Interactive metagenomic visualization in a Web browser. BMC Bioinform. 2011 Sep;12:385.

37 R Core Team. R: A language and environment for statistical computing [Internet]. Vienna: R Foundation for Statistical Computing; 2016 [cited 2025 Aug 29]. Available from: https://www.r-project.org/

38 Quaresma HDDA, Pinto PM. Estudo sobre o turismo insular em Caratateua/Belém-PA. In: Anais 3º do Workshop do Projeto MEGAM; 2000; Belém, PA. Belém: NAEA/UFPA; 2001.

39 Olgunoglu MP, Olgunoglu IA, Artar E. Seasonal variability and sex-specific accumulation of trace metals in black scorpionfish (Scorpaena porcus Linnaeus, 1758) from Izmir Bay (Aegean Sea), Türkiye: implications for human health risk assessment. Life. 2025 Mar;15(3):501.

40 Liu G, Verdegem M, Ye Z, Zhao J, Xiao J, Liu X, et al. Advancing aquaculture sustainability: a comprehensive review of biofloc technology trends, innovative research approaches, and future prospects. Rev Aquac. 2025 Jan;17(1):e12970. Epub 2024 Sep 17.

41 Samsuri ER, Ganesan P, Jauhari I, Tan GY, Hamad FA. Reusing biofloc-culture water and microbubble aeration for culturing the white-leg shrimp Litopenaeus vannamei. Aquac Fish. 2025 Jul;10(5):687-95. Epub 2024 May.

42 Ciji A, Akhtar MS. Nitrite implications and its management strategies in aquaculture: a review. Rev Aquac. 2020 May;12(2):878-908. Epub 2019 Jun 17.

43 Zhang X, Davidson EA, Mauzerall DL, Searchinger TD, Dumas P, Shen Y. Managing nitrogen for sustainable development. Nature. 2015 Nov;528:51-9.

44 Mopper K, Zhou X. Hydroxyl radical photoproduction in the sea and its potential impact on marine processes. Science. 1990 Nov;250(4981):661-4.

45 Zafiriou OC, True MB. Nitrate photolysis in seawater by sunlight. Mar Chem. 1979 Aug;8(1):33-42.

46 Picetti R, Deeney M, Pastorino S, Miller MR, Shah A, Leon DA, et al. Nitrate and nitrite contamination in drinking water and cancer risk: a systematic review with meta-analysis. Environ Res. 2022 Jul;210:112988.

47 Carlström M, Moretti CH, Weitzberg E, Lundberg JO. Microbiota, diet and the generation of reactive nitrogen compounds. Free Radic Biol Med. 2020 Dec;161:321-5.

48 Boeing H, Schlehofer B, Blettner M, Wahrendorf J. Dietary carcinogens and the risk for glioma and meningioma in Germany. Int J Cancer. 1993 Feb;53(4):561-5.

49 Yang H, Ou-Yang K, He Y, Wang X, Wang L, Yang Q, et al. Nitrite induces hepatic glucose and lipid metabolism disorders in zebrafish through mitochondrial dysfunction and ERs response. Aquat Toxicol. 2024 Jun:107015.

50 Qin Z, Babu VS, Wan Q, Muhammad A, Li J, Lan J, Lin L. Antibacterial activity of hemocyanin from red swamp crayfish (Procambarus clarkii). Fish Shellfish Immunol. 2018 Apr;75:391-9.

51 Li W, Huo R, Di Y, Liu C, Zhou S. Efficient nitrogen removal by the aerobic denitrifying bacterium *Pseudomonas stutzeri* RAS-L11 under triple stresses of high alkalinity, high salinity, and tetracycline: from performance to mechanism. Bioresour Technol. 2025 Apr:132590.

52 Wu J, Wang X, Fu Y, Yu Z, Meng F. Recruiting high-efficiency denitrifying consortia using *Pseudomonas aeruginosa*. Water Res. 2025 Jun;277:123303.

53 Zhang M, Li A, Yao Q, Xiao B, Zhu H. *Pseudomonas oligotrophica* sp. nov., a novel denitrifying bacterium possessing nitrogen removal capability under low carbon–nitrogen ratio condition. Front Microbiol. 2022 May;13:882890.

54 Adyasari D, Hassenrück C, Montiel D, Dimova N. Microbial community composition across a coastal hydrological system affected by submarine groundwater discharge (SGD). PLoS One. 2020 Jun;15(6):e0235235.

55 Batt CA, Robinson RK, editors. Encyclopedia of food microbiology. 2th. London: Elsevier; 2014. 3248 p.

56 Craun GF, Berger PS, Calderon RL. Coliform bacteria and waterborne disease outbreaks. J Am Water Works Assoc. 1997 Mar;89(3):96-104.

57 Ibrahim MF, Razak MF, Dawad NA, Shoib MA, Xiang CY, Toha HR. Acute gastroenteritis outbreak linked to *Escherichia coli* contamination in a swimming pool during a state-level school sports championship. IJID Reg. 2025 Apr:100643.

58 Ercumen A, Arnold BF, Naser AM, Unicomb L, Colford JM, Luby SP. Potential sources of bias in the use of *Escherichia coli* to measure waterborne diarrhoea risk in low-income settings. Trop Med Int Health. 2017 Jan;22(1):2-11. Epub 2016 Oct 31.

59 Li E, Saleem F, Edge TA, Schellhorn HE. Biological indicators for fecal pollution detection and source tracking: a review. Processes. 2021 Nov;9(11):2058.

60 Martins DT, Alegria OV, Dantas CW, De Los Santos EF, Pontes PR, Cavalcante RB, et al. CrAssphage distribution analysis in an Amazonian river based on metagenomic sequencing data and georeferencing. Appl Environ Microbiol. 2025 Apr;91:e01470-24.

61 Jennings WC, Gálvez-Arango E, Prieto AL, Boehm AB. CrAssphage for fecal source tracking in Chile: Covariation with norovirus, HF183, and bacterial indicators. Water Res X. 2020 Dec;9:100071.

62 Li E, Saleem F, Edge TA, Schellhorn HE. Assessment of crAssphage as a human fecal source tracking marker in the lower Great Lakes. Sci Total Environ. 2023 Nov;168840.

63 Ellwanger JH, Kulmann-Leal B, Kaminski VL, Valverde-Villegas JM, Veiga AB, Spilki FR, et al. Beyond diversity loss and climate change: Impacts of Amazon deforestation on infectious diseases and public health. An Acad Bras Cienc. 2020;92(1):e20191375.

64 Crank K, Li X, North D, Ferraro GB, Iaconelli M, Mancini P, et al. CrAssphage abundance and correlation with molecular viral markers in Italian wastewater. Water Res. 2020 Oct;184:116161.

65 Suh SH, Lee JS, Kim SH, Vinjé J, Kim SH, Park GW. Evaluation of crAssphages as a potential marker of human viral contamination in environmental water and fresh leafy greens. Front Microbiol. 2024 Mar;15:1374568.

66 Pasalari H, Akbari H, Ataei-Pirkooh A, Adibzadeh A, Akbari H. Assessment of rotavirus and norovirus emitted from water spray park: QMRA, diseases burden and sensitivity analysis. Heliyon. 2022 Oct;8(10):e10957.

67 Prez VE, Gil PI, Temprana CF, Cuadrado PR, Martínez LC, Giordano MO, et al. Quantification of human infection risk caused by rotavirus in surface waters from Córdoba, Argentina. Sci Total Environ. 2015 Dec;538:220-9.

68 Bortagaray V, Girardi V, Pou S, Lizasoain A, Tort LF, Spilki FR, et al. Detection, quantification, and microbial risk assessment of group A rotavirus in rivers from Uruguay. Food Environ Virol. 2019 Dec;12(2):89-98.

69 Alves JC, Teixeira DM, De Deus DR, Smith VC, Santos DS, Bandeira RD, et al. Two-year monitoring of enterovirus and rotavirus A in recreational freshwater from an island region, Pará State, northern Brazil. Lat Am J Aquat Res. 2022 Nov;50(5):703-13.

70 Rigotto C, Victoria M, Moresco V, Kolesnikovas CK, Corrêa AA, Souza DS, et al. Assessment of adenovirus, hepatitis A virus and rotavirus presence in environmental samples in Florianopolis, South Brazil. J Appl Microbiol. 2010 Nov;109(6):1979-87.

71 Carvalho L. Faz frio em Belém em julho? Saiba quais estações existem na capital paraense. O Liberal [Internet]. 2024 Jun 25 [citado 2025 jul 2]. Disponível em: https://www.oliberal.com/belem/faz-frio-em-belem-em-julho-saiba-quais-estacoes-existem-na-capital-paraense-1.829477

72 Aw TG, Gin KY. Environmental surveillance and molecular characterization of human enteric viruses in tropical urban wastewaters. J Appl Microbiol. 2010 Mar.109(2):716-30

73 Takuissu GR, Kenmoe S, Ebogo-Belobo JT, Kengne-Ndé C, Mbaga DS, Bowo-Ngandji A, et al. Assessing the prevalence of astroviruses in water environments: a systematic review and meta-analysis. ACS EST Water. 2023 Nov;3(12):3782-9.

74 Prevost B, Lucas FS, Goncalves A, Richard F, Moulin L, Wurtzer S. Large scale survey of enteric viruses in river and waste water underlines the health status of the local population. Environ Int. 2015 Jun;79:42-50.

75 Zhou N, Lin X, Wang S, Wang H, Li W, Tao Z, et al. Environmental surveillance for human astrovirus in Shandong Province, China in 2013. Sci Rep. 2014 Dec;4:7539.

76 Ibrahim C, Mehri I, Hammami S, Mejri S, Hassen A, Pothier P. Removal of human astroviruses from hospital wastewater by two biological treatment methods: natural oxidizing lagoons and rotating biodisks. Desalination Water Treat. 2017 Sep;89:287-96.

77 Anastasi P, Bonanni E, Cecchini G, Divizia M, Donia D, Di Gianfilippo F, et al. Virus removal in conventional wastewater treatment process. Ig Sanita Pubbl. 2008 May-Jun;64(3):313-30. Italian. PMID: 18936796.

78 Dias J, Pinto RN, Vieira CB, de Abreu Corrêa A. Detection and quantification of human adenovirus (HAdV), JC polyomavirus (JCPyV) and hepatitis A virus (HAV) in recreational waters of Niterói, Rio de Janeiro, Brazil. Mar Pollut Bull. 2018 Aug;133:240-5.

79 Silva HD, Anunciação CE, Santos SFO, García-Zapata MTA. Análise virológica da qualidade da água: uma revisão das metodologias de concentração e detecção viral. Rev Bras Biociênc. 2011 Sep;9(3):405.

80 Bertrand I, Schijven JF, Sánchez G, Wyn-Jones P, Ottoson J, Morin T, et al. The impact of temperature on the inactivation of enteric viruses in food and water: a review. J Appl Microbiol. 2012 Mar;112(6):1059-74.

81 Robins PE, Farkas K, Cooper D, Malham SK, Jones DL. Viral dispersal in the coastal zone: a method to quantify water quality risk. Environ Int. 2019 May;126:430-42.

82 McCall C, Wu H, Miyani B, Xagoraraki I. Identification of multiple potential viral diseases in a large urban center using wastewater surveillance. Water Res. 2020 Oct;184:116160.

83 International Committee on Taxonomy of Viruses. Virus Taxonomy - Taxon name: *Kyanoviridae* - Created in Proposal: 2021.082B.R.Tevens_new_families.zip. July 2021. Email ratification March 2022 (MSL #37) [Internet]. 2021 [cited 2025 Jul 1]. Available from: https://ictv.global/taxonomy/taxondetails?taxnode_id=202413665&taxon_name=Kyanoviridae

84 Liu H, Nolla H, Campbell L. Prochlorococcus growth rate and contribution to primary production in the equatorial and subtropical North Pacific Ocean. Aquat Microb Ecol. 1997;12:39-47.

85 Doré H, Farrant GK, Guyet U, Haguait J, Humily F, Ratin M, et al. Evolutionary mechanisms of long-term genome diversification associated with niche partitioning in marine picocyanobacteria. Front Microbiol. 2020 Sep;11:567431.

86 Zhang Q, Xiong Y, Zhang J, Liu B, Chen T, Liu S, et al. Eutrophication impacts the distribution and functional traits of viral communities in lakes. Sci Total Environ. 2024 Oct;946:174339.

87 Zheng Y, Gao Z, Wu S, Ruan A. Community structure, drivers, and potential functions of different lifestyle viruses in Chaohu Lake. Viruses. 2024 Apr;16(4):590.

88 Cai H, Zhou Y, Li X, Xu T, Ni Y, Wu S, et al. Genomic analysis and taxonomic characterization of seven bacteriophage genomes metagenomic-assembled from the Dishui Lake. Viruses. 2023 Sep;15(10):2038.

89 Lu J, Yang S, Zhang X, Tang X, Zhang J, Wang X, et al. Metagenomic analysis of viral community in the Yangtze River expands known eukaryotic and prokaryotic virus diversity in freshwater. Virol Sin. 2022 Feb;37(1):60-9.

90 Šulčius S, Šimoliūnas E, Alzbutas G, Gasiūnas G, Jauniškis V, Kuznecova J, et al. Genomic characterization of cyanophage vb_aphas-cl131 infecting filamentous diazotrophic cyanobacterium Aphanizomenon flos-aquae reveals novel insights into virus-bacterium interactions. Appl Environ Microbiol. 2018 Oct;85(1):e01311-18.

91 Guerrero-Latorre L, Romero B, Bonifaz E, Timoneda N, Rusiñol M, Girones R, et al. Quito's virome: Metagenomic analysis of viral diversity in urban streams of Ecuador's capital city. Sci Total Environ. 2018 Dec;645:1334-43.

92 Gu X, Tay QX, Te SH, Saeidi N, Goh SG, Kushmaro A, et al. Geospatial distribution of viromes in tropical freshwater ecosystems. Water Res. 2018 Jun;137:220-32.

93 Thompson FL, Iida T, Swings J. Biodiversity of vibrios. Microbiol Mol Biol Rev. 2004 Sep;68(3):403-31.

94 Jiang C, Tanaka M, Nishikawa S, Mino S, Romalde JL, Thompson FL, et al. Vibrio clade 3.0: new *Vibrionaceae* evolutionary units using genome-based approach. Curr Microbiol. 2021 Dec;79(1).

95 Soto W, Lostroh CP, Nishiguchi MK. Physiological responses to stress in the *Vibrionaceae*. In: Seckbach J, Grube M, editors. Symbioses and Stress. Cellular Origin, Life in Extreme Habitats and Astrobiology. Vol 17. Dordrecht: Springer; 2010.

96 Soto W, Travisano M, Tolleson AR, Nishiguchi MK. Symbiont evolution during the free-living phase can improve host colonization. Microbiology. 2019 Feb;165(2):174-87.

97 Johnson CN. Fitness factors in vibrios: a mini-review. Microb Ecol. 2013 Jan;65(4):826-51.

98 Grimes DJ, Johnson CN, Dillon KS, Flowers AR, Noriea NF, Berutti T. What genomic sequence information has revealed about vibrio ecology in the ocean: a review. Microb Ecol. 2009 Sep;58(3):447-60.

99 Faruque SM, Mekalanos JJ. Phage-bacterial interactions in the evolution of toxigenic *Vibrio cholerae*. Virulence. 2012 Nov;3(7):556-65.

100 Brüssow H. Bacteria between protists and phages: from antipredation strategies to the evolution of pathogenicity. Mol Microbiol. 2007 Aug;65(3):583-9.

101 Davis B, Waldor MK. Filamentous phages linked to virulence of *Vibrio cholerae*. Curr Opin Microbiol. 2003 Feb;6(1):35-42.

102 Antunes TC. Análise da diversidade da comunidade bacteriana em uma estação de tratamento de águas residuais da indústria petroquímica [tese]. Porto Alegre (RS): Universidade Federal do Rio Grande do Sul; 2018.

103 Oulas A, Pavloudi C, Polymenakou P, Pavlopoulos GA, Papanikolaou N, Kotoulas G, et al. Metagenomics: tools and insights for analyzing next-generation sequencing data derived from biodiversity studies. Bioinform Biol Insights. 2015 Jan;9:BBI.S12462.

Recebido em / Received: 31/8/2025
Aceito em / Accepted: 22/10/2025

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 30º Conferência das Nações Unidas sobre Mudanças Climáticas (ACOP 30).

Como citar este artigo / How to cite this article:

Monteiro CC, Santos EMO, Deus DR, Teixeira DM, Carneiro BS, Soares LS, et al. Composição microbiana da Praia do Amor, Ilha de Caratateua, Distrito de Outeiro, estado do Pará, Brasil. Rev Pan Amaz Saude. 2025;16:e202501785. Doi: https://doi.org/10.5123/S2176-6223202501785