










RISCOS DE DISSEMINAÇÃO DE RESISTÊNCIA AOS ANTIMICROBIANOS NAS ÁGUAS DO MAIOR RIO DO MUNDO

RISKS OF SPREADING RESISTANCE TO ANTIMICROBIALS IN THE WATERS OF THE LARGEST RIVER IN THE WORLD

RIESGOS DE DISEMINACIÓN DE LA RESISTENCIA A LOS ANTIMICROBIANO EN LAS AGUAS DEL RÍO MÁS GRANDE DEL

Winnie Karen de Farias Lima Pires¹; Bruno de Lucas Barros da Silva²; Luciana Sampaio Lima³; Artemis Socorro do Nascimento Rodrigues⁴; Aldo Aparecido Proietti Júnior⁵; Dália dos Prazeres Rodrigues⁶; Anglerson Bispo Lima Oliveira⁷; Jô de Farias Lima⁸; Rubens Alex de Menezes⁹

¹Mestre em Ciências da Saúde pela Universidade Federal do Amapá (UNIFAP), Macapá-AP, Brasil; ²Graduando em Ciências biológicas pela Universidade Federal do Amapá (UNIFAP), Vinculado ao laboratório de Biologia molecular e biotecnologia da Universidade Federal do Amapá (UNIFAP), Macapá-AP, Brasil; ³Doutora em Biologia Parasitária na Amazônia pela Universidade do Estado do Pará (UEPA). Técnica em laboratório da Universidade Federal do Amapá(UNIFAP), Macapá-AP, Brasil; ⁴Doutora em Clínica Médica na área de Ciências Básicas pela Universidade Estadual de Campinas(UNICAMP). Professora Associada nível III com dedicação exclusiva da Universidade Federal do Amapá- (UNIFAP), Macapá-AP, Brasil; ⁵Doutor pela Rede de Biodiversidade e Biotecnologia da Amazônia Legal - REDE BIONORTE (2020). Professor Adjunto do Curso de Farmácia da Universidade Federal do Amapá (UNIFAP) Macapá-AP, Brasil; ⁶Doutora em Ciências- área de Bacteriologia pela Universidade Federal do Rio de Janeiro (UFRJ). Pesquisadora em Saúde Pública e chefe do Laboratório de Enterobactérias do Instituto Oswaldo Cruz/FIOCRUZ), Rio de Janeiro -RJ, Brasil; ⁷Mestrando do Programa de Pós-Graduação em Ciências da Saúde (UNIFAP) na área de Ensaios Biológicos atuando na linha de pesquisa em Microbiologia e Biologia Molecular, Macapá- AP, Brasil; ⁸Doutor em Zoologia pela Universidade Federal do Pará (UFPA), Pesquisador do Embrapa Amapá, Macapá-AP, Brasil; ⁹Pós-doutor em Microbiologia e Parasitologia Aplicadas pela Universidade Federal Fluminense (UFF). docente do curso de Bacharelado em Enfermagem da Universidade Federal do Amapá (UNIFAP), Macapá-AP, Brasil.

*Autor Correspondente: minnickaren@hotmail.com.

Recebido: 17/01/2025 | Aprovado: 30/01/2025 | Publicado: 11/02/2025

Resumo: A resistência antimicrobiana (RAM) é uma ameaça à saúde da humanidade, mesmo depois de quase um século de progresso do uso de compostos antimicrobianos. Estudos estimam que em 2050 as mortes oriundas da RAM ultrapassarão a marca de 10 milhões. A interação do homem, animal, vegetal e meio ambiente, o uso de antibióticos e a resistência aos antimicrobianos são estudadas sob uma abordagem de saúde única. Este artigo teve como objetivo, determinar a prevalência de enterobactérias, os padrões de susceptibilidade antimicrobiana, a virulência e resistência de amostras isoladas de água do maior rio do mundo. Sob esse vies, a transmissão da RAM é afetada pelos padrões de controle de infecções, saneamento, acesso a água potável, acesso a antimicrobianos e diagnósticos de qualidade garantida, viagens e migração. Esta estudo fornece uma descrição da RAM como uma preocupação global e a possível contribuição de diferentes fatores ambientais para a transmissão de bactérias resistentes a antibióticos nas águas.

Palavras-chave: Ambiente Aquático. Bactérias em água. Contaminação. Saúde Pública. Saúde Única.

Abstract: Antimicrobial resistance (AMR) is a threat to humanity's health, even after almost a century of progress in the use of antimicrobial compounds. Studies estimate that by 2050 deaths from AMR will exceed the 10 million mark. The interaction of man, animal, plant and environment, the use of antibiotics and antimicrobial resistance are studied under a single health approach. This study aimed to determine the prevalence of enterobacteria, antimicrobial susceptibility patterns, virulence and resistance of isolated water samples from the largest river in the world. Under this bias, AMR transmission is affected by standards of infection control, sanitation, access to drinking water, access to antimicrobials and quality-assured diagnostics, travel and migration. This article provides a description of AMR as a global concern and the possible contribution of different environmental factors to the transmission of antibiotic-resistant bacteria in water.

Keywords: Aquatic Environment. Bacteria in water. Contamination. One Health. Public health.

Resumen: La resistencia a los antimicrobianos (RAM) es una amenaza para la salud humana, incluso después de casi un siglo de progreso en el uso de compuestos antimicrobianos. Los estudios estiman que para el año 2050 las muertes por RAM superarán los 10 millones. Se estudia la interacción del hombre, el animal, la planta y el medio ambiente, el uso de antibióticos y la resistencia antimicrobiana bajo un enfoque de Una Salud. Este artículo tuvo como objetivo determinar la prevalencia de enterobacterias, patrones de susceptibilidad antimicrobiana, virulencia y resistencia de muestras de agua aisladas del río más grande del mundo. Bajo este sesgo, la transmisión de RAM se ve afectada por las normas de control de infecciones, el saneamiento, el acceso a agua potable, el acceso a antimicrobianos y diagnósticos de calidad garantizada, los viajes y la migración. Este estudio proporciona una descripción de la RAM como una preocupación mundial y la posible contribución de diferentes factores ambientales a la transmisión de bacterias resistentes a los antibióticos en las vías fluviales.

Palabras clave: Medio Ambiente Acuático. Bacterias en el agua. Contaminación. Salud pública. Una Salud.

1 INTRODUÇÃO

A resistência aos antimicrobianos (RAM) é uma das maiores ameaças à saúde global, à segurança alimentar e ao desenvolvimento, especialmente nos países mais pobres. O rápido crescimento das populações humanas e animais, a ocupação humana desenfreada modificando ecossistemas causando as alterações climáticas e mais outros fatores, interferem na dinâmica dos vetores e o contato com animais. Somado a isso, a globalização com a rápida movimentação das pessoas, animais, plantas e produtos agropecuários entre países e continentes, favorecem a emergência e reemergência de zoonoses (Mwangi *et al.*, 2016).

O aumento da RAM em todo o mundo está atrelado à prescrição de antibióticos pelos profissionais de saúde de forma inadequada, à utilização de medicamentos divergentes dos prescritos e facilidade de obtenção sem receita médica por parte dos pacientes, ao uso inadequado na produção animal e à ausência de programas integrados de vigilância da resistência antimicrobiana, concentrado em humanos, animais, plantas e meio ambiente. As condições de vida anti-higiênicas e a utilização de água de má qualidade agravam ainda mais o problema da RAM nos países em desenvolvimento (Hartinger *et al.*, 2021).

A elevada frequência de bactérias resistentes com múltipla resistência em organismos aquáticos tem sido relatada em todo o mundo, o que tem despertado preocupação entre as autoridades sobre a transmissão de genes de resistência bacteriana entre microbiotas de animais e/ou humanos por meio do consumo de alimentos (Lima, 2020). De forma análoga, as enterobactérias desempenham um papel importante na propagação desses genes que podem ser transferidos para organismos patogênicos, aumentando o risco de infecções, assim como muitos genes RAM significativos em ambientes clínicos podem ter se originado de bactérias não patogênicas (Larson *et al.*, 2019; Alzamora, 2019).

As águas superficiais, como rios, são propensas à contaminação bacteriana, pois recebem resíduos e poluentes de fontes humanas e animais, principalmente porque são uma das principais fontes de abastecimento atualmente. Descarga de águas residuais, vazamentos de esgoto tratados ou não, falhas em fossas sépticas e campos de drenagem são possíveis fontes de contaminação aquática e a saúde desse ambiente se relaciona diretamente à saúde de seus organismos e por consequência à saúde humana (Deflorio-Barker, 2018).

Estudo do Instituto Trata Brasil, sobre a desigualdade social entre as cidades brasileiras com grande número populacional, abordando os indicadores de saneamento básico entre os 100 maiores municípios do Brasil, destaca a capital amapaense, Macapá, como o município com o pior indicador entre os 20 piores

municípios avaliados. O documento considera os dados mais recentes do Sistema Nacional de Informações sobre Saneamento (SNIS), referentes ao ano de 2021 e relaciona aspectos de acesso à água potável, acesso à coleta de esgoto, tratamento de esgoto e perdas na distribuição (Machado, 2023).

O conceito de saúde única estabelece que “a saúde humana, a saúde animal e a saúde das plantas são vinculadas à saúde dos ecossistemas” sendo proposto como uma estrutura para abordar a RAM pela Organização Mundial da Saúde (OMS), a Organização para Agricultura e Alimentação (FAO), Programa das Nações Unidas para o Meio Ambiente (PNUMA) e a Organização Mundial de Saúde Animal (WOAH). O relatório da OMS de 2022 sobre uso de antimicrobianos e RAM, recomendou sua vigilância sob uma abordagem de saúde única ou One Health (OMS, 2022). Desde a sua descoberta por Alexander Fleming em 1928, os antimicrobianos têm sido um importante aliado no tratamento de doenças infecciosas, mas a RAM vem crescendo de forma desordenada, fazendo o surgimento de novas doenças infecciosas, e é essencial pesquisas sobre o tema, para amenizar o seu agravo.

O descaso em seu tratamento resulta na elevação do risco de mortalidade e aumento da morbidade, sobrecarregando toda estrutura de saúde, causando prejuízos de ordem econômica e humana. Evidências de RAM em enterobactérias são encontradas em crianças em diferentes ambientes das cidades da Amazônia e regiões adjacentes. Ademais, a resistência antimicrobiana é associada ao uso indiscriminado e indevido de antibióticos, na agricultura, pecuária e indústria, precisando ser visto sob uma perspectiva de saúde única, pois a saúde humana está totalmente ligada à saúde dos animais e dos ecossistemas (Harbarth *et al.*, 2015; Eirini *et al.*, 2019).

A necessidade de conhecimento de sua existência em rios Amazônicos e de todos os seus riscos é essencial para a região bem como, o mundo inteiro. Na era da globalização, com a facilidade de transporte entre as pessoas e bens de serviços, sua disseminação ganha velocidade e agilidade. A pandemia de 2020, é o exemplo mais recente que o mundo vivenciou com graves e irreversíveis consequências humanas e econômicas. Este estudo teve como objetivo, determinar a prevalência de enterobactérias, os padrões de susceptibilidade antimicrobiana, a virulência e resistência de amostras isoladas de água no estado do Amapá em pontos situados nos municípios de Macapá, Santana e Mazagão, nos meses de fevereiro de 2022 a março de 2023. É preciso mudar comportamentos e incluir ações que possam reduzir a propagação da RAM, como uso correto dos antimicrobianos, acesso à água tratada, boa higiene ambiental e alimentar. A preocupação tem que ser comunitária e para isso todos precisam estar conscientes de toda essa problemática, que inclui a saúde do homem, dos animais, das plantas e do meio que habitam.

2 MATERIAL E MÉTODOS

Este estudo é descritivo, quanto aos seus objetivos. A pesquisa descritiva tem a finalidade de abordar as características de determinada população ou fenômeno ou estabelecer relações entre as variáveis (Gil, 2002). Fatos são observados, registrados, analisados, classificados e interpretados sem a interferência do pesquisador pelo uso de técnicas de coleta de dados e em observações sistemáticas (Rodrigues, 2007).

Desse modo, esta pesquisa objetiva descrever e demonstrar as características de enterobactérias que estejam presentes no meio ambiente, e em seus organismos aquáticos, pois estes são utilizados comercialmente e no hábito alimentar humano. Também quanto ao objetivo é analítico ou explicativo com o propósito de identificar fatores determinantes para a ocorrência dos fenômenos realizados em laboratório, ou seja, em ambiente que permita controlar as variáveis, reduzindo o grau de subjetividade na aferição dos dados (Rodrigues, 2007). Quanto à abordagem é quantitativa. Nos métodos quantitativos, faz-se a coleta de dados quantitativos ou numéricos por meio do uso de medições de grandezas e obtém-se números com suas respectivas unidades. Os dados quantitativos podem sofrer alguma análise estatística, usando a matemática como ferramenta para verificação dos dados como é o caso das porcentagens, geração de equações e/ou fórmulas matemáticas aplicáveis a algum processo (Pereira *et al.*, 2018).

Sob o aspecto epidemiológico, a pesquisa classifica-se em transversal e observacional, baseada na necessidade de conhecimento de possíveis problemáticas de saúde pública (Rodrigues, 2007). A interação entre o homem-animal-meio ambiente, está diretamente relacionando a existência de fatores que condicionam aspectos relativos a ocorrências de doenças nos humanos e animais.

2.1 Área de Estudo e Público-alvo

O Amapá está localizado no extremo norte do Brasil, é limitado pelo estado do Pará, a oeste e sul; pela Guiana Francesa, a norte; pelo Oceano Atlântico a nordeste; pela foz do Rio Amazonas a leste; e pelo Suriname, a noroeste. Por estar estrategicamente localizado em uma região de fronteira internacional, o estado do Amapá apresenta uma situação favorável ao estabelecimento de parcerias comerciais com países limitados, um exemplo do que já ocorre em relação à Guiana Francesa (Bacelar, 2019). De acordo com dados do Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística - IBGE (2022), a população do Amapá está estimada em 733.759 mil habitantes, distribuídos em 16 municípios, tendo a cidade de Macapá como capital. Seu território é de 142.828,52 Km². Exceto os municípios de Macapá e Santana, os outros 14 municípios apresentam menos de 50 mil habitantes. Esse estado apresenta 598 km de costa, possuindo uma considerável bacia hidrográfica, sendo que 40% dos rios pertencem à Bacia Amazônica e 60% à Bacia do Atlântico Sul, além de uma grande variedade de ecossistemas aquáticos (marinhos, estuarinos, lacustres e fluviais).

2.2 Metodologia da pesquisa

As coletas ocorreram nos municípios de Macapá, Mazagão e Santana. A água foi coletada nos três locais, camarão em Mazagão e Santana e a ostra somente em Macapá. Foi realizada uma coleta em cada um dos pontos de Macapá e duas em cada ponto de Mazagão e Santana. Os pontos foram selecionados devido a alta concentração de atividades e interação humana, atividade econômica como pesca e turismo, recreativas e de lazer. Especificamente no município de Macapá, a coleta levou em consideração pontos relacionados ao abastecimento de água da cidade, que ocorre pela da captação deste recurso pela Companhia de Água e Esgoto

do Amapá - CAESA, localizada na orla de Macapá. O PCM1 representa o ponto mais próximo de onde se realiza a captação de água pela CAESA.

O rio Amazonas é utilizado como a principal fonte de abastecimento da capital do estado do Amapá. O PCM2 localizado também na orla de Macapá, lugar com bastante fluxo de atividades humanas de recreação e pesca. O PCM3 localizou-se próximo ao porto das Pedrinhas, porto este com bastante fluxo de embarcações que fazem a trajetória de viagem interestadual entre o Amapá e ilhas do estado Pará. Este ponto tem também um diferencial por se localizar nas margens próximas ao tratamento de esgoto da cidade, serviço também realizado pela CAESA.

Este estudo ocorreu entre os meses de fevereiro de 2022 e março de 2023. A coleta de água, foi realizada nos pontos PCM1, PCM2, PCM3, nos meses de março, outubro e novembro de 2022, respectivamente. Nos pontos PCS e PCMZ foram realizadas duas coletas em cada ponto, uma no mês de fevereiro e outra em março. As coletas de camarão também ocorreram nos meses de fevereiro e março de 2022 em Santana, ponto PCS e em Mazagão, pontos de coleta PCMZ, sendo realizada uma coleta em cada mês. As ostras foram coletadas nos pontos PCM4, PCM5 e PCM6, nos meses de outubro e novembro. O semeio e isolamento de possíveis enterobactérias ocorreram logo após cada coleta, no LEMA. A identificação, os testes de sensibilidade aos antimicrobianos e os testes de detecção de genes de virulência e de resistência seguiram o cronograma laboratorial do LABENTFIOCRUZ e ocorreram de acordo com as demandas deste.

Para o Isolamento das espécies bacterianas foram realizados no Laboratório Especial de Microbiologia Aplicada -LEMA/UNIFAP. A metodologia foi realizada em conformidade com o descrito na American Public Health Association em seu Compendium of Methods for the Microbiological Examination of Foods, 4ª edição (BAIRD; BRIDGEWATER, 2017) e suas adaptações descritas nos procedimentos operacionais padrão contidos no Laboratório Especial de Microbiologia Aplicada (LEMA) da UNIFAP. As técnicas de isolamento bacteriológico foram realizadas em cabine biológica Classe II B-2 (Trox®-Technik, Curitiba, PR, Brasil).

As análises microbiológicas de água seguiram as metodologias descritas nos Procedimentos Operacionais Padrão do laboratório LEMA e as descritas no Standard methods for the examination of water and wastewater (2017). As amostras foram submetidas à testagem de coliformes totais e *Escherichia coli* por meio do ensaio ONPG-MUG do tipo Colilert (IDEXX®). Foi adicionado 100 mL da amostra em Saco Nasco esterilizado e o substrato reagente de colilert, homogeneizado até a completa dissolução, sendo adicionadas à cartela Quanti-Tray®, vedadas em seladora Quanti-TraySealer (IDEXX®) e incubadas em estufa (Olidefcz®) a 37 °C durante 24 h. Em leitura na Luz UV.

Após 24h foi realizada a leitura das cartelas. Poços com coloração amarela indicam positivo para coliformes totais e com fluorescência quando submetidas à Luz UV a 365 nm, características da presença de *E. coli*. Em seguida, com o auxílio de pipetas automáticas, foram retirados 10 µL de amostra de poços aleatórios e semeado no meio de cultura Coliforms Chromogenic Agar (CCA) ISO 9308® (KASVI™ Laboratorios Conda S.A., Spain©), com suplementação de Ceftriaxona (2 µg/mL), adaptado do protocolo de Jacob *et al.*, (2020), pela 44 Figura 12 – Semeio de amostras de camarão: Camarão em solução de Salina Peptonada 0,1%. técnica de inoculação por esgotamento e posterior incubação em estufa (Olidefcz®) a 37 °C durante 24 h. Um

Total de 37 amostras com colônias bacterianas, foram selecionadas para identificação, teste de sensibilidade aos antimicrobianos e pesquisa de genes de virulência e resistência.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A pesquisa identificou as espécies *Serratia*, *Citrobacter freundii*, *Enterobacter sp.*, *Klebsiella pneumoniae*, *Escherichia coli* e *Salmonella entérica, ssp entérica*. A *Chromobacterium violaceum*, bactéria Gram-negativa pertencente à família Neisseriaceae foi encontrada apenas em uma amostra de água e uma de ostra. A *Escherichia coli* foi a bactéria de maior ocorrência em água, camarão e ostra, seguida da *Klebsiella pneumoniae*. A espécie *Enterobacter sp.* foi identificada em apenas um isolado Água=37 Total=169 Camarão=70 Ostra=62 Água=18 Isolados Camarão=15 Ostra=31 52 de água, seis de camarão e oito de ostra. *Serratia* em três de camarão e duas de ostra. *Citrobacter freundii* em oito de camarão e três de ostra, e *Salmonella entérica* somente em camarão.

Estudos apontam os ecossistemas aquáticos, rios e águas superficiais, como reservatórios de bactérias resistentes. Enterobactérias com multiresistência aos antimicrobianos têm sido observadas nesses ambientes associadas ao consumo alimentar de seus organismos, e a maior parte dos estudos epidemiológicos de resistência envolvem as espécies *Escherichia coli* e *Klebsiella pneumoniae*, por serem favoráveis à sobrevivência e disseminação destas (Lima, 2020). Neste ensaio a *E. coli* foi a bactéria mais isolada da água e de seus organismos aquáticos, camarão e ostra, o que se relaciona diretamente com contaminação de origem fecal.

Para Lima *et al.* (2022) a ampla diversidade em ambiente aquático, fatores de virulência associados à patogenicidade em humanos, capacidade de transferência e disseminação de material genético, transformaram as bactérias da espécie *E. coli* em objeto de pesquisas em todo mundo. Outra importante observação deste estudo foi a constatação da presença de cepas de várias outras enterobactérias, como a *K. pneumoniae*, *Enterobacter sp.* e *Salmonella entérica*, capazes causar fortes infecções de origem alimentar que podem ter consequências de ordem econômica grave, além da possibilidade de causar danos letais.

Segundo Dong *et al.* (2022), concluiu em seus achados que o número de espécies do gênero *Klebsiella* deram um salto gigantesco na última década, originando organismos com capacidade de realizar trocas de elementos genéticos e mutações que conferem resistência antimicrobiana e perfil de virulência, levando ao surgimento dos clones bacterianos, multirresistentes e hipervirulentos (MDR-hv), além de cepas simultaneamente, hipervirulentas e resistentes a múltiplos antibióticos.

É cabível salientar que *Klebsiella pneumoniae* é conhecida como patógeno oportunista geralmente encontrada na microbiota do nariz, garganta, pele e trato intestinal de indivíduos saudáveis, sendo responsável por uma série de infecções, incluindo pneumonia, infecções de tecidos moles e feridas cirúrgicas, infecções do trato urinário, infecções da corrente sanguínea e sepse, normalmente causa de infecções hospitalares graves e adquiridas na comunidade (Dong *et al.*, 2022).

Espécies de *Enterobacter sp.* têm sido relatadas como importantes patógenos bacterianos oportunistas e multirresistentes para humanos durante as últimas três décadas em enfermarias hospitalares. Essas bactérias Gram-negativas têm sido amplamente descritas durante vários surtos de infecções hospitalares na Europa e

particularmente na França, sendo capazes de adquirir inúmeros elementos genéticos móveis que contribuem fortemente para a resistência aos antibióticos. Além disso, essa aptidão particular ajuda a colonizar vários ambientes e hospedeiros, com adaptação rápida e eficientemente do seu metabolismo e fisiologia, às condições externas e a estresses ambientais (Davin; Pagés, 2015).

De acordo com a OMS (2018), a *Salmonella* é uma das quatro causas mundiais de doenças diarreicas e é um dos microrganismos que podem escapar da toxicidade dos antimicrobianos via resistência aos antibióticos. Globalmente, a *Salmonella ssp.* é um organismo causador de gastroenterite, infecção sistêmica, como febre entérica. A subespécie enterica é mais comum, sendo responsável por aproximadamente 99% das infecções, em organismos de sangue quente e uma das principais causas de doenças diarreicas transmitidas por alimentos em todo o mundo.

A febre entérica é um problema de saúde pública que afeta principalmente os países em desenvolvimento. Mais de 2500 sorovares estão associados a diversos animais que podem servir como via de transmissão e contaminar alimentos oriundos destes. Embora tenham sido encontradas em camarões neste ensaio, esta espécie não habita comumente águas costeiras e marinhas, e sua presença em frutos de água doce é atribuída à contaminação via homens e animais. A contaminação de organismos aquáticos como camarões tem sido frequentemente relatada na Índia (Stephen *et al.*, 2022). A *Escherichia coli* prevaleceu entre os isolados encontrados neste estudo e alguns achados apresentaram fatores de virulência e genes de resistência. Normalmente esta bactéria é comensal, tendo como habitat o trato gastrointestinal de animais de sangue quente, incluindo humanos, mas sem causar doenças nestes, exceto em hospedeiros imunocomprometidos ou quando as barreiras gastrointestinais são rompidas. No entanto, algumas cepas se tornaram virulentas pela codificação de elementos genéticos móveis, como bacteriófagos, ilhas de patogenicidade, plasmídeos e transposons, através da transferência horizontal de genes.

A distribuição generalizada de *Escherichia coli* em água pode ser atribuída ao escoamento de ambientes com más práticas de saneamento, como defecação a céu aberto. O consumo de água contaminada com este microrganismo, leva ao surgimento de doenças e infecções de veiculação hídrica, o que posteriormente poderá resultar em morbidade e mortalidade em crianças e adultos (Mok, 2021). Segundo a OMS (2021) em torno de 600 milhões de pessoas, uma média de uma em cada dez pessoas no mundo, adoecem por infecções causadas por ingestão de água e alimentos contaminados e 420.000 morrem todos os anos. Uma perda de quase 33 milhões de anos de vida saudáveis. As crianças menores de cinco anos são as mais acometidas e representam em torno de 40% dos indivíduos que adoecem e o número de 125.000 chegam a mortes a cada ano, em média.

A presença dessas bactérias está relacionada, principalmente, ao lançamento de esgoto não tratado nos corpos hídricos locais e também ao reuso de recursos hídricos, como fertilizantes orgânicos para irrigação e aquicultura. A salmonelose, uma grande preocupação em saúde pública mundial, é caracterizada por altos níveis de endemicidade e morbidade, sendo 67 particularmente difícil de controlar devido à variedade de parâmetros epidemiológicos relacionados a múltiplas fontes de infecção e vias de transmissão ao longo do ciclo da doença (Sharma *et al.*, 2021). Para Tucker (2022) Com o crescente surgimento de bactérias resistentes aos antimicrobianos e o risco que isso representa para a saúde pública, existem preocupações crescentes

relativamente à poluição da água que contribui para a propagação da resistência antimicrobiana (RAM) através de instalações inadequadas e da rápida taxa de urbanização.

4 CONCLUSÃO

A prevalência de bactérias resistentes a antibióticos nas águas superficiais do maior rio do mundo é uma preocupação crescente e a compreensão dos mecanismos de propagação dos determinantes da resistência é essencial. É necessário investigar os fatores associados à virulência e a capacidade de transferência horizontal de genes entre bactérias para um melhor entendimento da patogenicidade e dos mecanismos de disseminação de bactérias resistentes. Recomendamos que os programas de vigilância da qualidade da água, bem como dos organismos que habitam este ambiente, principalmente os que são utilizados como fonte alimentar, também incluam o monitoramento de níveis excessivos de RAM para melhor proteger a segurança alimentar dos moluscos, água de recreação e reduzir a contaminação por genes de resistência.

Conflitos de interesses

Os autores declaram que não há conflitos de interesse. Todos os autores estão cientes da submissão do artigo.

Contribuições dos autores

Todos os autores contribuíram para o desenvolvimento deste trabalho.

REFERÊNCIAS

Alzamora, M. C., Echevarreua, A. C., Ferreira, V. M., Riveros, M. D. *et al.* (2019). Resistencia Antimicrobiana de cepas comensales de *Escherichia coli* en niños de las comunidades rurales peruanas. *Rev. Peru. Med. Exp. Saúde Pública*, 36, 459-464.

Bacelar, M. O. B. O. (2019). *Agronegócio: a territorialização e a expansão das fronteiras do Capital no Amapá*. (2019). Tese (Doutorado do Programa de Pós-Graduação em Geografia) - Universidade Federal de Goiás, Goiânia.

Baird, R.; Bridgewater, L. (2017). *Standard methods for the examination of water and wastewater*. American Public Health Association, 23, 872.

Dang, S., Bortolaia, V., Tran, N. T. (2018). Cephalosporin-resistant *Escherichia coli* isolated from farm workers and pigs in northern Vietnam. *Tropical medicine & international health*, 23 (4), 415-424.

Davin, R. A; Pagès, J. M. (2015). Enterobacter aerogenes e Enterobacter cloacae; patógenos bacterianos versáteis que confrontam o tratamento com antibióticos. *Microbiol Frontal*, 18 (6). DOI: 10.3389/fmicb.2015.00392. PMID: 26042091

Deflorio-Barker, S., Wing, C., Jones, R. M., Dorevitch, S. (2018). *Estimate of incidence and cost of recreational waterborne illness on United States surface waters*. Environmental health: a global access science source, 17(1), 3. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12940-017-0347-9>

- Dong, N., Yang, X., Chan, E. W. et al. (2022). *Klebsiella espécies: Taxonomia, hipervirulência e resistência a múltiplas drogas*. *EbioMedicina*, 79. DOI:10.1016/j.ebiom.2022.103998
- Eirini, et al. (2019). Antimicrobial Resistance in Bacteria: Mechanisms, Evolution, and Persistence. *Journal of molecular evolution*, 88 (1), 26-40. DOI: 10.1007/s00239-019-09914-3
- GIL, A. C. (2002). *Como elaborar um projeto de pesquisa*. 4.ed. São Paulo: Atlas, 2002.
- Harbarth S., Balkhy, H. H., Goossens, H. et al. (2015). *Resistência antimicrobiana: um mundo, uma luta!* *Antimicrob Resist Infect Control*. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/s13756-015-0091-2>. Acesso em: 10 fev. 2023.
- Hartinger, S. M.; Medina-Pizzali, M. L.; Salmon-Mulanovich, G. et al. (2021). Resistência antimicrobiana em humanos, animais, água e ambientes domésticos na zona rural andina do Peru: explorando as vias de disseminação através da lente da saúde única. *Int. J. Ambiente. Res. Saúde Pública*, 18 (4604). DOI: <https://doi.org/10.3390/ijerph18094604>
- Instituto Brasileiro De Geografia E Estatística – IBGE (2022). *Cidades e estados*. IBGE. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/cidades-e-estados>. Acesso em: 01 de abril de 2023.
- Larson, A., Hartinger, S. M., Riveros, M. et al. (2019). Resistente a antibióticos *Escherichia coli* em amostras de água potável de famílias rurais andinas em Cajamarca, Peru. *Sou. J. Trop. Med.*, 100, 1-6.
- Lima, L. S. (2020). *Perfil fenotípico e molecular de Escherichia coli resistentes à quinolonas e βlactâmicos isoladas de conteúdo intestinal de Arapaima gigas do estado do Amapá*. Tese (Doutorado – Programa de Pós-graduação em Biologia Parasitária na Amazônia), Universidade do estado do Pará, Belém.
- Lima, L. S., Proietti-Junior, A. A., Rodrigues, Y. C. et al. (2022). *High Genetic Diversity and Antimicrobial Resistance in Escherichia coli Highlight Arapaima gigas (Pisces: Arapaimidae) as a Reservoir of Quinolone-Resistant Strains in Brazilian Amazon Rivers*. *Microorganisms*. DOI: doi.org/10.3390/micro-organisms10040808
- Machado, O. V., Patrocínio, M. C., Medeiros, M. S. et al. (2019). *Antimicrobianos: revisão geral para graduandos e generalistas*. Fortaleza: Ed. Unichristus.
- Mwangi, W., Figueiredo, P. De, Criscitiello, M. F. (2016). One Health: Addressing Global Challenges at the Nexus of Human, Animal, and Environmental Health. *PLoS Pathog*, 12 (9). Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/27631500> . Acesso em: 03 ju. 2024.
- Organização Mundial da Saúde. (2023). *One Health*. Disponível em: [One Health \(who.int\)](https://www.who.int). Acesso em: 09 fev. 2023.
- Organização Mundial da Saúde. (2018). *Resistência a antibióticos*. Disponível em: [Resistência a antibióticos \(who.int\)](https://www.who.int). Acesso em: 16 out. 2021.
- Pereira, A. S. et al. *Metodologia da pesquisa científica* [recurso eletrônico]. Santa Maria: UFSM, [s.d].
- Rodrigues, W. C. (2007). *Metodologia Científica (PPT)*. FAETEC/IST Paracambi. Disponível em: http://unisc.br/portal/upload/com_arquivo/metodologia_cientifica.pdf 3 .Acesso em 17 jul.2023.

SHARMA, L. *et al.* (2021). Antibiotic-resistant bacteria and gut microbiome communities associated with wild-caught shrimp from the United States versus imported farm-raised retail shrimp. *Scientific Reports*, 11 (1), 1–14.

Stephen, J., Lekshmi, M., Nayak, B. B. *et al.* (2022). *Primeiro relato de uma Salmonella enterica sorovar infantil multirresistente portadora de megaplasmídeo pESI isolado de camarão marinho na Índia*. J Glob Antimicrob Resiste. Disponível em: DOI:10.1016/j.jgar.2022. Acesso em: 28 abr. 2023.

Treskova, M., Kuhlmann, A., Freise, F. *et al.* (2022). Occurrence of Antimicrobial Resistance in the Environment in Germany, Austria, and Switzerland: A Narrative Review of Existing Evidence. *Microorganisms*, 10 (728), 2022. DOI: <https://doi.org/10.3390/microorganisms10040728>

Tucker K, Mageiros L. (2022). *Spatiotemporal Investigation of Antibiotic Resistance in the Urban Water Cycle Influenced by Environmental and Anthropogenic Activity*. *Microbiol Spectr.* 2022 Oct 26;10(5):e0247322. DOI: 10.1128/spectrum.02473-22. Epub 2022 Aug 29. PMID: 36036576; PMCID: PMC9603458.