



Diversidade bacteriana e perfil de resistência antimicrobiana em fontes hídricas urbanas de Santarém, Pará na Amazônia brasileira

Bacterial diversity and antimicrobial resistance profile in urban water sources of Santarém, Pará in the Amazon

A. C. O. Sarmiento^{1*}; M. S. Terceti²; J. G. V. Gusmão³; A. K. F. Martins²;
G. S. T. Fernandes²

¹Instituto de Ciência e Tecnologia das Águas (ICTA)/Programa de Pós-Graduação em Biodiversidade, Universidade Federal do Oeste do Pará, 68040-255, Santarém-PA, Brasil

²Instituto de Ciências Biomédicas (ICB)/Departamento de Microbiologia e Imunologia (DMI), Universidade Federal de Alenas (UNIFAL-MG).

³Instituto de Saúde Coletiva (ISCO)/Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia e Biodiversidade, Universidade Federal do Oeste do Pará, 68040-255, Santarém-PA, Brasil

*oannacelia8@gmail.com

(Recebido em 02 de maio de 2025; aceito em 21 de novembro de 2025)

A água é essencial para a saúde e o desenvolvimento humano, mas sua qualidade está ameaçada pelo aumento da pressão antrópica nos ecossistemas aquáticos, isso é particularmente evidente em áreas urbanas, onde o crescimento populacional e a falta de saneamento básico resultam em poluição hídrica. Este estudo foi realizado nas áreas urbana e periurbana de Santarém, no estado do Pará, com o objetivo de avaliar a diversidade bacteriana e a resistência a antibióticos em fontes de água utilizadas pela população. Foram realizadas coletas de amostras em 5 pontos, resultando na identificação de 129 cepas bacterianas, as quais foram identificadas por testes morfológicos e bioquímicos, com predominância de *Corynebacterium* sp., *Clostridium* sp., *Lactobacillus* sp. assim como *Staphylococcus* sp., *Shigella* sp., *Yersinia* sp. e *Serratia* sp., os quais representam um potencial risco à saúde pública devido à contaminação bacteriana nas fontes de água. A sensibilidade aos antibióticos foi avaliada pela técnica de Kirby-Bauer (disco difusão), e observou-se elevada resistência às penicilinas nas cepas gram-positivas, enquanto as cepas gram-negativas mostraram sensibilidade a todos os antimicrobianos testados. No entanto, 78,2% das cepas testadas apresentaram perfil de resistência a pelo menos um antimicrobiano, o que caracteriza preocupante taxa de multirresistência. A resistência bacteriana a antimicrobianos representa um desafio significativo para a saúde pública, exigindo uma abordagem multifacetada que inclua políticas de uso adequado de antimicrobianos e melhorias no saneamento básico.

Palavras-chave: qualidade da água, resistência microbiana, saneamento básico.

Water is essential for human health and development, but its quality is threatened by increasing anthropogenic pressure on aquatic ecosystems. This is particularly evident in urban areas, where population growth and lack of basic sanitation result in water pollution. This study was carried out in the urban and peri-urban areas of Santarém, in the state of Pará, with the aim of evaluating bacterial diversity and antibiotic resistance in water sources used by the population. Samples were collected at 5 points, resulting in the identification of 129 bacterial strains, which were identified by morphological and biochemical tests, with a predominance of *Corynebacterium* sp., *Clostridium* sp., *Lactobacillus* sp. and has *Staphylococcus* sp., *Shigella* sp., *Yersinia* sp. and *Serratia* sp., which represent a potential risk to public health due to bacterial contamination in water sources. Antibiotic sensitivity was assessed using the Kirby-Bauer (disk diffusion) technique, and high resistance to penicillins was observed in gram-positive strains, while gram-negative strains showed sensitivity to all antimicrobials tested. However, 78.2% of the strains tested showed resistance to at least one antimicrobial, which represents a worrying rate of multidrug resistance. Bacterial resistance to antimicrobials represents a significant challenge to public health, requiring a multifaceted approach that includes policies for the appropriate use of antimicrobials and improvements in basic sanitation.

Keywords: water quality, microbial resistance, basic sanitation.

1. INTRODUÇÃO

A água é um dos principais recursos naturais, essencial para a saúde humana, qualidade de vida e desenvolvimento socioeconômico, sendo indispensável para a manutenção da vida e o recurso natural mais utilizado pelo ser humano [1]. Nos ecossistemas aquáticos, a diversidade de microrganismos é um componente-chave na organização e função desses ambientes [2], com a capacidade de refletir rapidamente as alterações ambientais, sendo responsáveis pela realização de processos biogeoquímicos, como a metabolização do carbono orgânico dissolvido, que é essencial para o funcionamento dos ecossistemas [3].

Apesar de sua importância, o uso intensivo e crescente desses ecossistemas pela sociedade, impulsionado principalmente pelo aumento populacional, tem exercido intensa pressão antrópica sobre os recursos hídricos, gerando impactos significativos e, por vezes, irreversíveis [4, 5]. O crescimento demográfico nas últimas décadas, associado com as atividades humanas, alteram significativamente o uso da água, levando a consequências como escassez e má qualidade da água, afetando, por sua vez, os fatores bióticos e abióticos dos corpos hídricos [6].

Essas alterações na qualidade da água favorecem a introdução e proliferação de microrganismos externos nos ambientes aquáticos. Segundo Martinez e Baquero (2014) [7], algumas bactérias encontradas na água não são autóctones do ambiente, mas sim transportadas por animais, vegetais ou por solo superficial arrastado pela chuva, sendo, portanto, consideradas exógenas e transitórias, da mesma forma que os corpos hídricos recebem microrganismos não pertencentes a eles, também recebem substâncias externas. As bactérias presentes nesses ecossistemas, ao entrarem em contato com essas substâncias, podem ter seu desenvolvimento alterado, e entre as alterações, destaca-se a seleção de cepas bacterianas dotadas de genes de resistência a fármacos e metais [8, 9]. O saneamento básico precário, aliado ao lançamento de efluentes hospitalares, domésticos, industriais e agrícolas, contribui para o aumento da resistência bacteriana, que pode ocorrer não apenas por meio da seleção natural e genes cromossômicos, mas também através de diversos mecanismos, como a aquisição de plasmídeos [10].

O aumento de cepas resistentes também ocorre por questões comportamentais, como o uso inadequado e excessivo de antimicrobianos, sobretudo devido ao uso indiscriminado de fármacos, favorecendo a seleção de bactérias com genes de resistência, estimulando alterações nos resistomas ambientais. Em consequência desses fatores, a incidência de bactérias patogênicas e resistentes a antibióticos em diversos ambientes tem aumentado, tornando-se uma preocupação para a saúde pública, especialmente no que diz respeito à disseminação de microrganismos resistentes e o crescimento de clones multirresistentes [11, 12]. Ambientes aquáticos são considerados grandes reservatórios de cepas resistentes a antimicrobianos [13], e isso está diretamente relacionado à abordagem "One Health", que se baseia na dependência mútua de humanos, animais e meio ambiente, pois compartilham não apenas o mesmo ambiente, mas também riscos à saúde, como doenças causadas por microrganismos [14].

No Brasil, o uso contínuo dos corpos hídricos como destino para os efluentes domésticos e industriais não tratados, representa a principal fonte de poluição dos corpos hídricos, especialmente nas cidades da região Amazônica [15, 16]. Esse cenário é agravado pelo processo de urbanização estimulado por políticas desenvolvimentistas específicas na segunda metade do século XX, que resultaram no crescimento de muitas cidades sem o planejamento adequado sem o devido planejamento urbano e ambiental [17]. O município de Santarém, no estado do Pará, retrata um exemplo desta realidade, sua urbanização foi construída com base em um planejamento inconsistente, que não levou em consideração as necessidades da população local, nem os futuros impactos sociais e ambientais decorrentes das diversas atividades econômicas da Amazônia [18]. Neste contexto, diversos fatores socioambientais como a expansão demográfica, atividades econômicas, industriais e agrícolas, estão diretamente relacionadas à poluição das fontes de água potável, indicando a presença crescente de impurezas tanto nos leitos de rios como nas águas subterrâneas [19].

Há a necessidade de compreender a dinâmica da resistência bacteriana nos corpos hídricos urbanos da Amazônia, contribuindo para a elaboração de políticas públicas eficazes de gestão e proteção dos recursos hídricos, além de fornecer informações essenciais para a promoção da saúde pública e o enfrentamento da resistência antimicrobiana na região. Diante disso, o presente estudo

teve como objetivo analisar a diversidade bacteriana e avaliar o perfil de resistência em bactérias de bacias e microbacias urbanas de Santarém, Pará, durante dois períodos sazonais na região Amazônica.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Locais e coleta de amostras

O estudo foi realizado no município de Santarém, no estado do Pará (PA), localizado a 2°26'22"S e 54°41'55"O, abrangendo uma área de 17.898,389 km² e uma população de 308.339 habitantes. Santarém está inserido na microrregião do Médio Amazonas, na margem direita do rio Tapajós, próximo à confluência com o rio Amazonas [20] A temperatura média anual da região varia entre 25 e 28 °C, com elevada umidade relativa do ar [21]

As coletas de água foram realizadas na bacia do rio Tapajós, em áreas urbanas (pontos 1 – P1 e ponto 2 – P2) e em microbacias na área periurbana (pontos 3 – P3, ponto 4 – P4 e ponto 5 – P5), durante os períodos chuvoso e de estiagem (Figura 1). Amostras de água foram coletadas em três subpontos ao longo do corpo hídrico de cada ponto de coleta e em duplicata, pela manhã (7:00 h a 10:00 h), entre os meses de novembro a dezembro de 2021 (estiagem) e abril a maio de 2022 (chuvoso). As amostras e suas duplicatas de cada subponto foram homogeneizadas em pool, totalizando duas amostras por ponto. As amostras e suas réplicas, com volume de 200 mL, foram armazenadas sob refrigeração em frascos de vidro estéreis e enviadas para o Laboratório de Bacteriologia (LABAC) da Universidade Federal do Oeste do Pará (UFOPA) para análises microbiológicas.

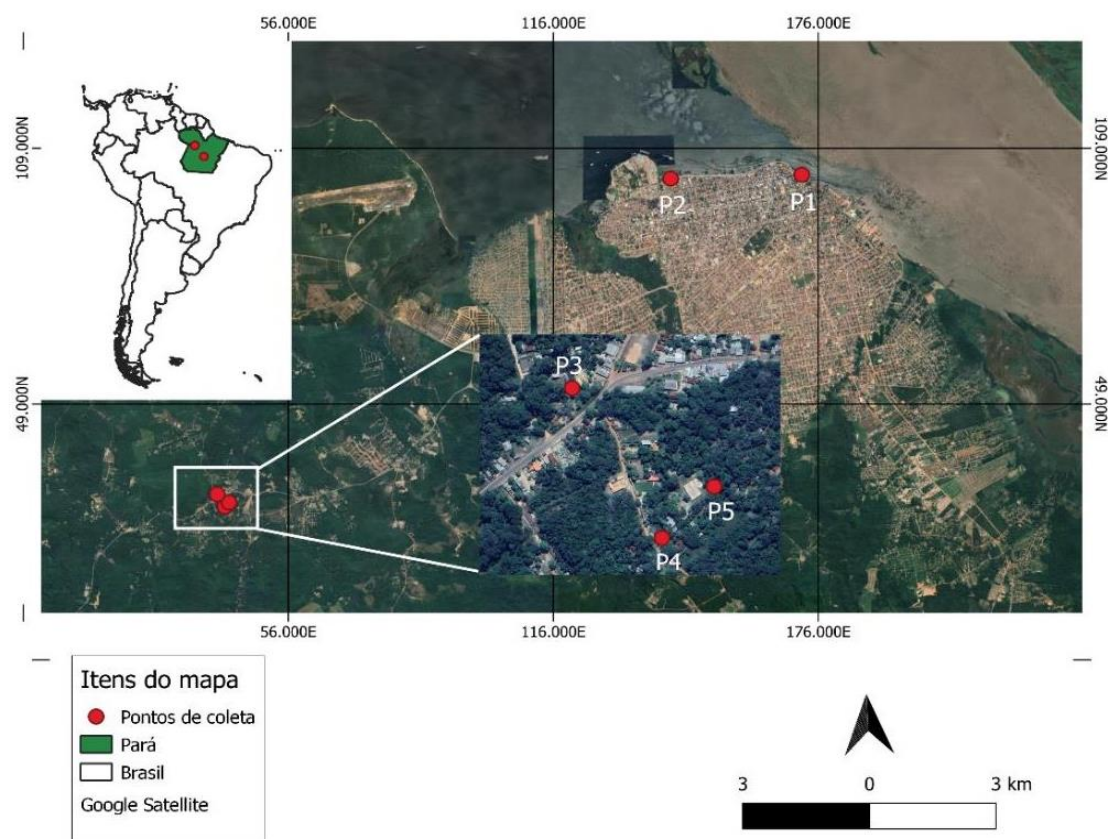


Figura 1: Localização dos pontos de coleta: P1, P2 - área urbana do município; P3, P4, P5- área periurbana do município.

2.2 Processamento da amostra e obtenção dos isolados bacterianos

As amostras foram processadas de acordo com os procedimentos descritos no Manual Prático de Análise de Água [22]. Para a quantificação dos microrganismos presentes, foi realizada a inoculação de 0,1 mL da amostra diluída (10^{-1} a 10^{-5}) em placas de Petri, utilizando a técnica de *pour plate* em duplicatas, no meio de cultura *Plate Count Agar* (PCA-Kasvi®), sob fluxo laminar. Após a inoculação, as placas foram incubadas a 35 °C por 24 a 48 horas em estufa, para o crescimento de bactérias anaeróbicas foi utilizado jarra de anaerobiose para o crescimento bacteriano em condições adequadas. Ao término da incubação, procedeu-se à contagem de colônias e ao repique de, no mínimo, cinco colônias com características morfológicas distintas para cada diluição. Esse repique foi realizado em tubos de ensaio contendo o meio *Tryptona Soja Ágar* (TSA-Kasvi®), com o objetivo de se obter o crescimento em cultura pura.

A identificação taxonômica dos isolados foi realizada com base em uma série de testes bioquímicos, utilizando a chave de identificação apropriada. Os testes realizados incluíram anaerobiose, coloração ácida de Ziehl-Neelsen (ZN), atividade catalásica, presença de coagulase, fermentação de carboidratos (lactose, sacarose, glicose) e produção de H_2S , entre outros. Esses testes permitiram a determinação da identidade dos microrganismos até o menor nível taxonômico possível, conforme as diretrizes descritas por Bergey e Holt (2000) [23]. A combinação de múltiplos testes bioquímicos foi essencial para garantir a precisão da identificação, proporcionando uma abordagem robusta para o estudo da diversidade microbiana nas amostras.

2.3 Perfil de resistência antimicrobiana

O estudo do perfil de resistência antimicrobiana das cepas isoladas foi realizado utilizando o método de difusão em disco de Kirby-Bauer [24], uma técnica amplamente empregada para avaliar a suscetibilidade bacteriana a diferentes antimicrobianos. Para os testes, foram selecionados 11 antimicrobianos representando 5 classes farmacológicas distintas: fluoroquinolonas (ciprofloxacina - CIP), carbapenêmicos (imipenem - IMP), nitrofurantoína (NIT), penicilinas (penicilina G - PEN G, oxacilina - OXA), aminopenicilinas (ampicilina - AMP), beta-lactâmicos com inibidor de beta-lactamase (amoxicilina/ácido clavulânico - AMO+CLA), e macrolídeos (eritromicina - ERI).

A resistência ou sensibilidade das cepas a cada antimicrobiano foi determinada pela medição dos halos de inibição formados ao redor dos discos impregnados com os antimicrobianos. Os halos foram medidos com o auxílio de um paquímetro digital, com a unidade de medida expressa em milímetros (mm). Os diâmetros dos halos foram comparados com os valores de referência preconizados pelas normas estabelecidas pelo *Clinical and Laboratory Standards Institute* [25], que classifica as cepas como sensíveis (S), intermediárias (I) ou resistentes (R) de acordo com a magnitude dos halos de inibição observados.

Para a análise da resistência múltipla, foi calculado o Índice MAR (*Multiple Antibiotic Resistance Index*) [26], que permite avaliar a resistência de um isolado a diferentes antimicrobianos. O cálculo do Índice MAR foi realizado dividindo o número dos antibióticos que apresentaram resistência bacteriana pelo número total de antibióticos testados. De acordo com os critérios estabelecidos, um valor de MAR superior a 0,2 é indicativo de multirresistência, sugerindo que o isolado apresenta resistência a uma proporção significativa de antimicrobianos testados, o que pode ser um indicativo de preocupações para o controle e tratamento das infecções causadas por essas cepas.

2.4 Análise estatística

Para avaliar a diversidade de gêneros entre os diferentes pontos amostrais foram utilizados os Índices de Simpson e Shannon. A comparação entre as médias do número de amostras identificadas nos períodos sazonais (chuvoso e estiagem) foi utilizado o teste Wilcoxon. Essa análise foi escolhida devido os dados não atenderem o pressuposto da normalidade. Além disso, esta análise leva em consideração a não independência dos pontos entre os tratamentos, realizando

assim comparação entre amostras pareadas. As análises foram realizadas no software R [27] a nível de significância de 95%.

Na análise estatística de resistência antimicrobiana foi utilizada matriz de similaridade e distância euclidiana com variáveis categóricas R, I e S que foram convertidas em variáveis numéricas 3, 2 e 1, respectivamente, para que fosse construída uma medida de similaridade com base na análise euclidiana para a construção do dendrograma. Todas as análises estatísticas foram realizadas no programa R [27].

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Diversidade bacteriana

Os resultados possibilitaram o isolamento de 129 cepas a partir das amostras de água coletadas na bacia e nas microbacias de Santarém (PA). Após a coloração de gram, observou-se que 93,8% das cepas foram gram-positivas. As cepas gram-negativas, juntamente com as gram-positivas, foram posteriormente identificadas por meio de testes bioquímicos. As identificações das cepas durante o período chuvoso e de estiagem estão detalhadas na Tabela 1 e Figura 2.

Tabela 1: Números de isolados identificados (n) e frequência de ocorrência nas amostras (%) dos isolados bacterianos no período chuvoso (CVS) e estiagem (ETG).

Táxon	P1		P2		P3		P4		P5	
	CVS	ETG	CVS	ETG	CVS	ETG	CVS	ETG	CVS	ETG
<i>Corynebacterium</i> sp.	13	4	10	7	4	5	1	3	3	0
<i>Clostridium</i> sp.	12	7	1	4	1	3	0	3	2	7
<i>Lactobacillus</i> sp.	2	5	0	0	1	4	0	4	0	0
<i>Staphylococcus</i> sp.	0	0	0	0	2	1	4	0	3	0
<i>Serratia</i> sp.	0	0	0	0	2	0	0	0	1	0
<i>Yersinia</i> sp.	0	0	0	0	1	0	0	2	0	0
<i>Shigella</i> sp.	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0

Ao comparar a diversidade de gêneros nos diferentes pontos amostrais por meio do Índice de Simpson, que enfatiza a dominância de espécies, indicou que os pontos P1 e P2 apresentaram os menores valores de dominância (64% e 53%, respectivamente), sugerindo maior diversidade de gêneros. Em contraste, os pontos P3, P4 e P5 apresentaram maior dominância de gêneros (79%), refletindo menor diversidade bacteriana. Já o Índice de Shannon, mais sensível à riqueza de espécies, indicou que o ponto amostral que apresentou maior diversidade e riqueza de gêneros foi o P3, seguido dos pontos P4, P5, P1 e P2. A aplicação combinada desses índices permitiu avaliar simultaneamente a dominância e a riqueza, proporcionando uma análise mais abrangente da diversidade bacteriana nos pontos amostrais.

Apesar de o número de cepas isoladas ser maior no período chuvoso (n = 73) em comparação ao período de estiagem (n = 56), o teste t revelou que não houve diferença significativa entre os pontos amostrais, estatística t= 120 e valor de p= 0.8887 (p > 0,05). No entanto, foi observada uma prevalência contínua dos gêneros *Corynebacterium* e *Clostridium* tanto no período chuvoso quanto no de estiagem. A análise microbiológica dos corpos hídricos revelou a presença de microrganismos com potenciais implicações sanitárias e ecológicas, tanto gram-positivas como gram-negativas.

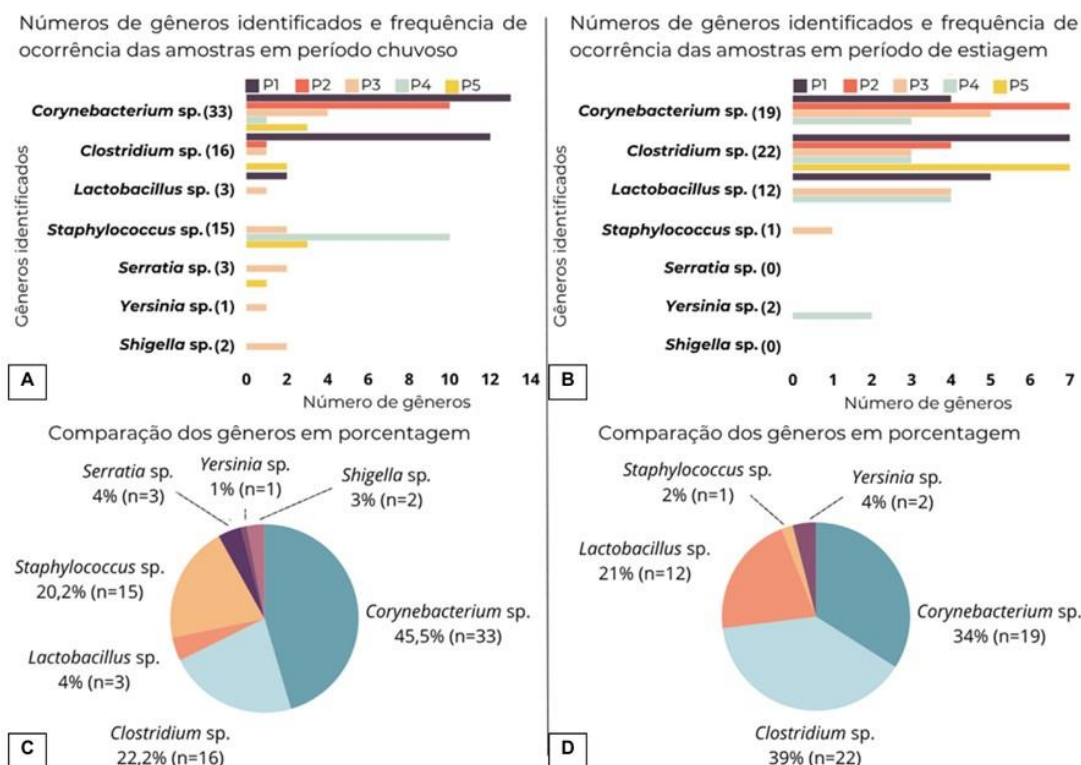


Figura 2. Imagem esquemática dos isolados bacterianos no período chuvoso e estiagem. A) Número de gêneros identificados (n) e frequência de amostras no período chuvoso. B) Número de gêneros identificados (n) e frequência de amostras no período de estiagem. C) Representação gráfica de comparação dos gêneros no período chuvoso. D) Representação gráfica de comparação dos gêneros no período de estiagem.

Dentre eles, o gênero *Corynebacterium*, um gênero pertencente ao filo *Actinobacteria*, encontrado em diversos ambientes, como solos, esgotos, superfícies vegetais, e também compondo a microbiota nativa da pele e mucosas de animais e humanos [28]. As espécies desse gênero são bastonetes gram-positivos, imóveis, não esporulados, aeróbicas e produtoras da enzima catalase. O gênero inclui espécies patogênicas, oportunistas e simbióticas, entre as patogênicas destaca-se *C. diphtheriae*, causadora da difteria, enquanto *C. glutamicum*, uma espécie não patogênica e simbiótica, é amplamente utilizada na produção de aminoácidos e em processos biotecnológicos [29-31]. Na presente pesquisa, durante o período chuvoso, *Corynebacterium* foi a bactéria mais frequente no ponto P1, localizado na bacia do rio Tapajós, na área urbana de Santarém. Esse resultado sugere que a alta prevalência desse gênero pode estar relacionada à contribuição dos efluentes urbanos lançados no corpo hídrico, que pode estar relacionado a processos naturais como a lixiviação, principalmente durante do período chuvoso, onde os substratos são varridos para os corpos d'água pela chuva.

Outro grupo abundante neste estudo é o gênero *Clostridium*, pertencente ao filo *Firmicutes*, é composto por espécies gram-positivas, anaeróbicas, não móveis e formadoras de esporos [28]. Muitas espécies desse gênero são reconhecidas por sua capacidade de produzir toxinas, sendo algumas patogênicas, como *Clostridium tetani* e *Clostridium botulinum* [32]. Além do potencial patogênico, algumas espécies de *Clostridium* desempenham um papel importante na decomposição de matéria orgânica em ambientes anaeróbios, como os sedimentos e águas de corpos hídricos [28, 32]. A presença significativa de *Clostridium* nos corpos hídricos estudados, especialmente no período chuvoso, sugere uma correlação com o aporte de matéria orgânica, que pode ocorrer devido o escoamento superficial urbano ou por lixiviação, alterando a diversidade e a estrutura das comunidades microbianas, esses processos favorecem o transporte de material contaminado para o ambiente aquático, criando condições ideais para o crescimento de espécies anaeróbicas.

Lactobacillus é um gênero caracterizado por bastonetes gram-positivos, não formadores de esporo [33], sendo o gênero mais frequente nos pontos P1 (bacia urbana), P4 e P5 (microbacia periurbana) do período de estiagem. *Lactobacillus* possui ampla distribuição na natureza e é raramente associado a infecções em humanos, estando presente em alimentos fermentados e suplementos vitamínicos. Suas características fisiológicas específicas, tanto no rendimento metabólico quanto nas propriedades probióticas, tornam essas bactérias amplamente utilizadas na indústria de alimentos fermentados [33, 34], assim como fazendo parte do microbioma humano e ambiental, sendo considerado um microrganismo vivo que promove benefícios à saúde. Além disso, as bactérias do ácido láctico, grupo ao qual *Lactobacillus* pertence, são bem estudadas por suas propriedades probióticas e antimicrobiana [34, 35].

Complementando a diversidade microbiana de cepas gram-positivas encontradas neste estudo, a presença de cepas da família *Staphylococcaceae*, representada por *Staphylococcus* sp. foram encontradas exclusivamente nos pontos da área periurbana do município. As espécies do gênero *Staphylococcus* são versáteis e presentes na microbiota humana e animal, bem como em ambientes aquáticos e alimentos [36]. Os estafilococos são classificados com base na capacidade de coagular o plasma, sendo divididos em coagulase positiva (SCP) e coagulase negativa (SCN), dentro dessas categorias, destaca-se *Staphylococcus aureus*, uma espécie coagulase positiva, que tem a capacidade de colonizar indivíduos saudáveis e habitar as mucosas. Sua adaptação e disseminação nos ambientes podem estar relacionadas à formação ou presença em biofilmes [37]. As infecções associadas a *S. aureus* podem ser graves devido aos seus fatores de virulência e à sua capacidade de desenvolver resistência antimicrobiana [37, 38]. É importante ressaltar que cepas de *S. aureus* estão entre os patógenos de alta prioridade devido ao risco à saúde pública para indivíduos que tenham contato com essas bactérias [39] por possuírem o potencial de desenvolver resistência aos antibióticos do grupo dos β -lactâmicos que são responsáveis pela inativação do antibiótico [40].

No grupo das gram-negativas, a família *Enterobacteriaceae* representadas pelos gêneros *Shigella* sp., *Yersinia* sp. e *Serratia* sp., gêneros de grande interesse tanto do ponto de vista da saúde pública quanto da qualidade ambiental [41]. Amplamente dispersas na natureza, essas bactérias são frequentemente encontradas em ambientes aquáticos, em plantas, no solo e na microbiota do trato intestinal de animais. Sua importância médica é significativa, pois muitas dessas espécies são patogênicas e apresentam resistência a antimicrobianos, o que torna seu monitoramento essencial para a saúde pública e o controle da qualidade ambiental [42]. A falta de saneamento básico e a presença de esgotos não tratados no ambiente são as principais causas das infecções por bactérias do gênero *Shigella*, causando doenças intestinais, transmitidas principalmente pela ingestão de água e alimentos contaminados. Dentre essas infecções, destaca-se a shigelose, uma doença gastrointestinal inflamatória aguda que pode afetar adultos e crianças [43]. Como *Shigella sonnei*, uma das principais responsáveis pela shigelose em países desenvolvidos, sendo frequentemente associada a infecções de menor gravidade em comparação com outras espécies do gênero, no entanto, devido à sua alta capacidade de transmissão e resistência a algumas classes de antibióticos, representa um risco significativo à saúde pública [44]. O monitoramento e controle da presença dessa bactéria em ambientes aquáticos e alimentos são cruciais para prevenir surtos e garantir a saúde pública, especialmente em áreas com infraestrutura de saneamento precária.

De modo semelhante, a identificação do gênero *Yersinia*, um patógeno de relevância histórica e epidemiológica por possuir espécies que são consideradas patógenos entéricos, sendo capazes de penetrar na parede intestinal e invadir os linfonodos, embora o mecanismo de patogenicidade dessas bactérias ainda não seja completamente compreendido [45]. A espécie *Y. enterocolitica* é conhecida por produzir uma enterotoxina que pode causar gastroenterites, levando a sintomas como diarreia, febre e dor abdominal [46]. No presente estudo foram identificadas três cepas deste gênero, sendo uma na estação de estiagem e duas na estação chuvosa. A detecção de cepas de *Yersinia*, é de grande importância destacando a necessidade de vigilância e controle rigoroso da qualidade da água e do ambiente.

Por fim, *Serratia* sp. surge como um gênero de dupla relevância: enquanto algumas espécies são consideradas oportunistas em humanos, outras têm potencial biotecnológico devido à produção de enzimas como DNase e lipase, além de pigmentos e compostos com aplicações

industriais e ambientais, incluindo biorremediação [47]. A principal espécie do gênero *Serratia* é associada a doenças humanas, *Serratia marcescens*, inicialmente, esses microrganismos eram considerados aquáticos saprófitos, sem patogenicidade, sendo frequentemente utilizados como marcadores biológicos devido à característica de formar colônias vermelhas facilmente identificáveis. No entanto, *Serratia marcescens* é agora reconhecida como uma espécie associada a infecções hospitalares, estando envolvida em diversas doenças, como infecções do trato respiratório, urinário, septicemia, meningite e endocardite [48, 49].

Neste estudo, foram identificados gêneros bacterianos com diferentes perfis ecológicos, abrangendo tanto microrganismos patogênicos quanto não patogênicos. O ponto P4 apresentou o maior número de cepas durante o período chuvoso, possivelmente em razão de características específicas da área periurbana, como alta densidade populacional associada a maior escoamento de efluentes residenciais durante as chuvas. Esses fatores podem explicar a ocorrência localizada desse gênero, embora não seja possível afirmar um padrão de distribuição entre áreas urbanas e periurbanas com base apenas nestes dados.

Outro ponto a ser discutido é a ausência da espécie *Escherichia coli* nos isolados, que apesar de ser um indicativo de qualidade de água, o presente estudo buscou conhecer a diversidade bacteriana dos efluentes, por isso, não se utilizou de meios específicos para isolamento da espécie [9, 22]. Esse fator pode ter contribuído para subestimar a ocorrência dessa espécie, especialmente considerando que indicadores fecais como *E. coli* tendem a competir com outras bactérias heterotróficas de crescimento rápido em meios não seletivos [50]. Além disso, condições ambientais desfavoráveis, como variações bruscas de pH, alta incidência de radiação UV, baixa disponibilidade de nutrientes e presença de substâncias antimicrobianas no meio, podem reduzir a viabilidade de *E. coli* ou induzi-la ao estado viável, porém não cultivável [51, 52].

A principal causa para o registro de táxons com potencial patogênico é a evidente presença de efluentes despejados diariamente nessas águas sem o tratamento adequado, o que torna o ambiente um potencial transmissor de doenças e um reservatório para esses microrganismos. Grande parte dos microrganismos responsáveis por doenças transmitidas pela água ou esgoto tem origem fecal, e, nos rios, essas cepas bacterianas podem entrar em contato com substâncias e metais, criando um ambiente de pressão seletiva para o desenvolvimento de resistência antimicrobiana.

3.2 Perfil de resistência à antimicrobianos

Os testes de perfil de resistência antimicrobiana revelaram que 78,2% de todos os isolados apresentaram resistência a pelo menos um antimicrobiano (Figura 3 e Figura 4). Entre os gêneros testados, *Corynebacterium sp.* foi o mais resistente, com 54,1% das cepas mostrando resistência a pelo menos um antimicrobiano, seguido por *Clostridium sp.* (38,1%), *Lactobacillus sp.* (18,06%), *Staphylococcus sp.* (6,4%) e *Staphylococcus aureus* (9,03%). Por outro lado, os gêneros *Shigella sp.*, *Yersinia sp.* e *Serratia sp.* não apresentaram resistência a nenhum dos antimicrobianos testados.

A classe das penicilinas foi o grupo de antimicrobianos para o qual as cepas apresentaram maior resistência em comparação com as outras classes. No total, 65,2% das cepas mostraram resistência à OXA e 60,3% à PEN. Ao analisar os resultados dos perfis de resistência das bactérias aos antimicrobianos testados, não foi observada diferença significativa entre as estações chuvosa e de estiagem, independentemente dos pontos amostrados, conforme resultado do teste Wilcoxon onde $p > 0,05$. Estudos sugerem que o elevado índice de resistência antimicrobiana no período chuvoso pode estar relacionado ao transporte alóctone, facilitado pelo arraste de contaminantes de outras áreas dos ambientes aquáticos [53]. No entanto, nossos dados não corroboram esses achados, uma vez que não houve influência das estações climáticas sobre o perfil de resistência bacteriana das cepas testadas.

Entre as cepas gram-negativas ($n=8$), todas apresentaram sensibilidade para os antimicrobianos testados. O percentual de suscetibilidade bacteriana nos diferentes ambientes pode ser observado na Figura 3.

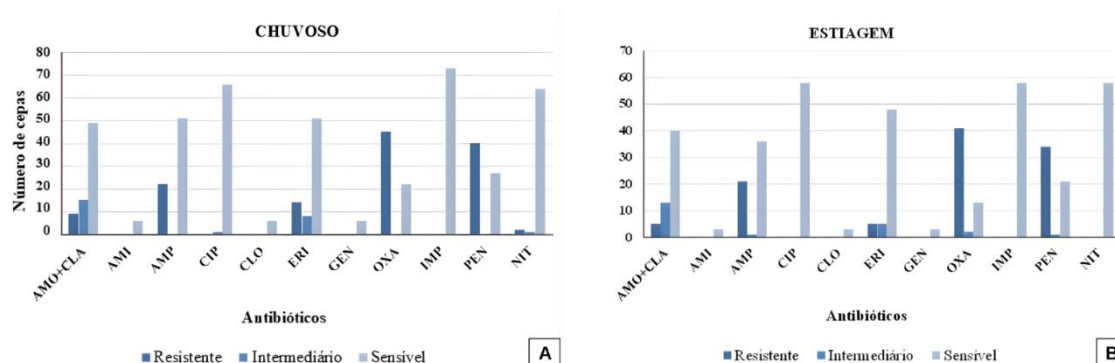


Figura 3: A) Percentual de susceptibilidade bacteriana (resistente, sensível e resistência intermediária) a diferentes antimicrobianos em amostras ambientais de água no período chuvoso (cheia) B) Percentual de susceptibilidade (resistente, sensível e intermediário) a diferentes antimicrobianos em amostras ambientais de água no período estiagem. Legenda: AMO+CLA – Amoxicilina + Ácido Clavulânico; AMP – Ampicilina; ERI – Eritromicina; IMP – Imipenem; NIT – Nitrofurantoína; CIP – Ciprofloxacina; OXA – Oxacilina; PEN – Penicilina; AMI – Amicacina; CLO – Cloranfenicol; GEN – Gentamicina.

O perfil intermediário das cepas isoladas das amostras testadas foi observado com maior frequência para AMO+CLA (22,4%) e ERI (10,07%), com menor sensibilidade para OXA, seguido pela PEN. A penicilina foi o segundo antimicrobiano mais frequente entre os perfis de resistência expressos pelas cepas testadas. Desde sua descoberta em 1928, tem-se registrado um aumento histórico nos perfis de resistência das bactérias a este fármaco. Em meados da década de 1930, menos de 1% das bactérias eram resistentes, enquanto em 2005 esse número saltou para 90% [54]. O aumento da resistência bacteriana é alarmante, pois a maioria dos microrganismos envolvidos nesta questão são causadores de doenças no trato gastrointestinal, e a busca por antibióticos para tratamento tem levado os pacientes a escolherem aqueles de baixo custo e fácil acesso, estimulando o uso sem recomendação médica.

No presente estudo, 33% das cepas gram-positivas testadas apresentaram perfil de susceptibilidade a OXA. A pressão antrópica e o avanço da urbanização nos pontos estudados certamente são fatores que contribuem para a seleção de cepas resistentes, pois este antimicrobiano é utilizado no tratamento de muitas infecções humanas. Estudos com estafilococos mostraram elevada resistência, acima de 70%, ao grupo das penicilinas (benzilpenicilina, penicilina V, ampicilina e amoxicilina). Na busca por fármacos antimicrobianos capazes de combater as infecções estafilocócicas, foram descobertas novas penicilinas, como a metecilina, a oxacilina e seus derivados [55, 56]

Antibióticos como AMO e AMP, quando associados a Clavulanato ou Sulbactam, respectivamente, exibem maior eficácia no controle bacteriano [57, 58]. Nesta pesquisa, foi utilizado o teste de sensibilidade para AMO associado ao Clavulanato/Ácido Clavulânico (AMO+CLA), e 10% de todas as cepas testadas mostraram resistência a esses fármacos. Estudo realizado em águas subterrâneas e superficiais relatou resultados semelhantes aos encontrados neste estudo, no qual os autores observaram que 36% das cepas testadas apresentaram resistência à amoxicilina e ampicilina [59]. Malagi et al. (2019) [60] identificaram resistência à ampicilina e ciprofloxacina, e susceptibilidade à gentamicina em cepas isoladas dos rios da cidade de Cascavel-PR, os quais os autores atribuíram ao aporte de efluentes urbanos. Esses dados diferem dos obtidos no nosso estudo, onde as cepas apresentaram sensibilidade aos antibióticos AMP, CIP e GEN.

A eritromicina (ERI) é um antibiótico da classe dos macrolídeos, caracterizado por seu amplo espectro de ação, atuando na síntese de proteínas. Foi observado que 13,9% das cepas isoladas nesta pesquisa apresentaram resistência à ERI. Em geral, a ERI é o antimicrobiano de segunda opção para tratar infecções em pacientes alérgicos à PEN [61].

Ciprofloxacina (CIP) e Imipenem (IMP) foram os antimicrobianos para os quais as cepas testadas nesta pesquisa apresentaram sensibilidade. A ciprofloxacina é uma fluoroquinolona de terceira geração, normalmente administrada para o tratamento de infecções bacterianas sistêmicas

complicadas [62], o que pode indicar seu uso restrito em infecções da comunidade. A frequência do perfil de sensibilidade e multirresistência dos isolados aos antimicrobianos nos diferentes períodos sazonais é mostrada na Figura 4.

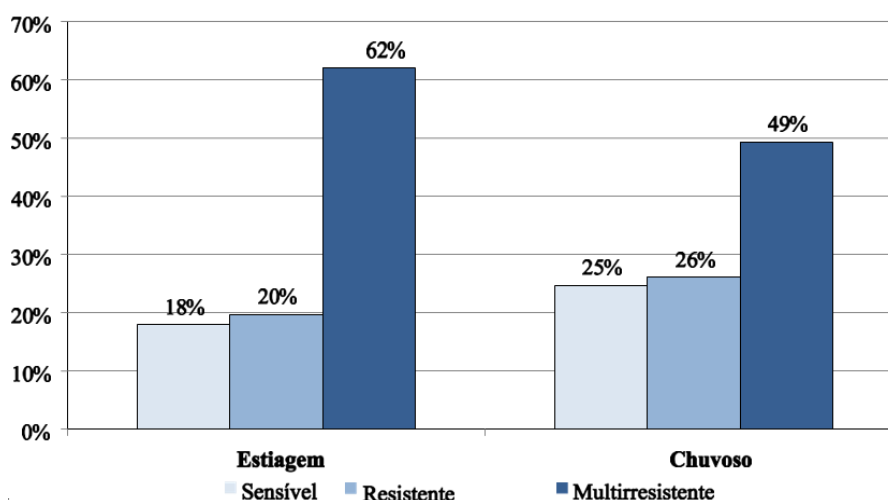


Figura 4: Isolados sensíveis, resistentes e multirresistentes a antimicrobianos nos períodos sazonais.

As cepas que apresentaram perfil de multirresistência no período de estiagem atingiram 62%, enquanto o perfil de sensibilidade foi mais elevado no período chuvoso. Considerando todos os isolados, 78,2% das cepas apresentaram resistência a um ou mais antimicrobianos. Destas, 55,03% mostraram multirresistência (com maior frequência nos isolados do período de estiagem), e 21,7% apresentaram sensibilidade (maior no período chuvoso) a todos os antimicrobianos testados. A alta frequência de bactérias multirresistentes é uma preocupação global, pois esses microrganismos, mesmo não sendo patógenos potenciais ou oportunistas, podem, por contato, contaminar a população e transferir genes de resistência para a microbiota patogênica, oportunista ou comensal. Dependendo da condição do hospedeiro, isso pode resultar em infecções [63].

As cepas multirresistentes a antimicrobianos têm se tornado cada vez mais comuns devido ao uso indiscriminado de antibióticos, especialmente na medicina humana, veterinária, agricultura e produção animal [64]. Fatores como densidade populacional e o descarte inadequado de resíduos nas proximidades de corpos d'água estão diretamente relacionados ao aumento da resistência antimicrobiana [65]. Estudar microrganismos multirresistentes é fundamental para o controle da saúde pública, tratamento de doenças infecciosas e monitoramento ambiental, sendo uma medida eficaz para garantir a saúde da população, especialmente das mais vulneráveis.

Segundo O'Neill (2016) [66], o elevado número de cepas ambientais com resistência antimicrobiana representa um grande desafio para o planeta e para a saúde humana. As hipóteses sobre essa questão são preocupantes. Estima-se que, até 2050, infecções causadas por bactérias resistentes possam resultar em uma taxa de mortalidade superior à do câncer.

De acordo com Monteiro et al. (2020) [67], o tratamento inadequado com antibióticos, seja por tempo insuficiente ou sem prescrição médica, são os principais fatores para o desenvolvimento da resistência. O uso de antimicrobianos em animais, em doses baixas para prevenir doenças, e o consumo de alimentos contaminados com esses fármacos, amplamente utilizados na agricultura para o controle de pragas, são também causas que favorecem o surgimento de cepas resistentes [68]. Além disso, o descarte de efluentes in natura, fossas sépticas e águas residuais, assim como os resíduos provenientes do escoamento das fazendas, podem contribuir para a expressão de perfis de multirresistência bacteriana [69].

A análise de agrupamento dos padrões de resistência entre os diferentes antimicrobianos revelou dissimilaridade entre os grupos (Figura 5).

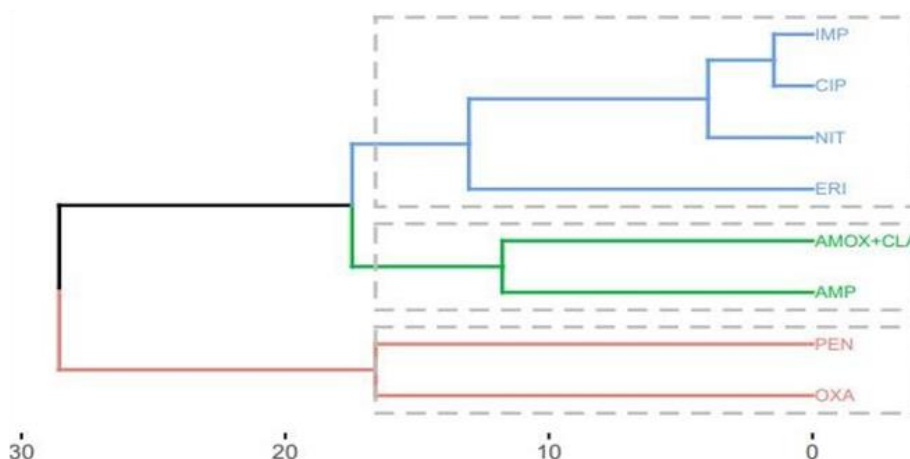


Figura 5: Dendrograma de similaridade entre antibióticos escolhidos, construído por meio do seu padrão de resistência aos antimicrobianos pelas cepas analisados.

O grupo mais distante foi composto pelos antimicrobianos OXA e PEN, que apresentaram alta taxa de resistência entre as cepas testadas. Já o primeiro grupo (IMP, CIP, NIT e ERI) apresentou maior perfil de sensibilidade, o que explica a distância e a dissimilaridade entre os dois grupos (Figura 5). Santarém ocupa a 3ª posição entre as piores cidades brasileiras no ranking de saneamento básico [70].

Os resultados das análises de perfil de resistência bacteriana encontrados nesta pesquisa destacam a necessidade de um maior monitoramento dos ambientes aquáticos utilizados pela população. O fato de os locais de coleta estarem situados em áreas urbanas ou periurbanas, com alta densidade populacional e saneamento básico deficiente, contribui significativamente para a degradação dos corpos hídricos, com o lançamento de resíduos provenientes de diversas fontes. Isso favorece a disseminação de microrganismos e exerce uma pressão seletiva sobre as cepas resistentes. Neste estudo, os pontos amostrais são fontes naturais localizadas próximas a áreas urbanas e periurbanas, o que facilita o consumo e o contato com a água. Embora as amostras coletadas entre os diferentes períodos sazonais apresentem aparente igualdade, 55,03% das bactérias mostraram multirresistência. Isso reforça a urgência na adoção de políticas públicas que promovam o uso adequado de antimicrobianos, o fortalecimento das infraestruturas de saneamento básico e o incentivo a pesquisas que investiguem de maneira mais aprofundada a relação entre resistência bacteriana, antimicrobianos e variáveis físicas, químicas e microbiológicas dos corpos hídricos e outras matrizes ambientais.

4. CONCLUSÃO

Os resultados das análises de perfil de resistência bacteriana realizadas neste estudo ressaltam a urgência do monitoramento constante dos ambientes aquáticos utilizados pela população. A proximidade dos locais de coleta com áreas urbanas e periurbanas, caracterizadas por densidade populacional significativa e saneamento básico deficiente, contribui diretamente para a degradação dos corpos hídricos, com o lançamento de efluentes de diversas fontes. Isso não só favorece a disseminação de microrganismos patogênicos, mas também intensifica a pressão seletiva sobre as cepas resistentes. Diante desses achados, é essencial a adoção de novas políticas públicas que incentivem o uso adequado de antimicrobianos e o fortalecimento das infraestruturas de saneamento básico. Além disso, é imperativo investir em pesquisas que investiguem mais profundamente a relação entre resistência bacteriana e variáveis ambientais, como características físico-químicas e microbiológicas dos corpos hídricos, para desenvolver estratégias eficazes de controle e mitigação dos impactos da resistência antimicrobiana. Tais ações são fundamentais para proteger a saúde pública e garantir a qualidade dos recursos hídricos, especialmente em regiões com infraestrutura urbana deficiente.

5. AGRADECIMENTOS

Ao Laboratório de Bacteriologia (LABAC) e a Universidade Federal do Oeste do Pará (UFOPA), pelo suporte para a execução das análises.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Rutkowski E, Lessa SN. Desenvolvimento brasileiro X meio ambiente: trajetória da problematização da água. *Rev Ciênc.* 1999 Nov;14:22-30.
2. Zehr JP. Microbes in Earth's aqueous environments. *Front Microbiol.* 2010 Jul;1:2127 doi: 10.3389/fmicb.2010.00004
3. Hahn MW. The microbial diversity of inland waters. *Curr Opin Biotechnol.* 2006 Jun;17(3):256-61. doi: 10.1016/j.copbio.2006.05.006
4. Doubrava B, Sanquetta CR, Paula A. CO₂ removal associated to the dynamics of land cover in the Iguassu River watershed, Brazil, during 2000-2010. *Interciencia.* 2014 Aug;39(8):562-9.
5. Fernandes GST, Abreu JO, de Carvalho FCT, Sousa OV. Antibiotic resistance in the superficial mucosa microbiota in an Amazonian fish, mapará (*Hypophthalmus* spp.). *Braz J Dev.* 2021 Jan;7(1):10178-95. doi: 10.34117/bjdv7n1-690
6. Lescreck MC, Petroni RGG, Cortez FS, Santos AR, Coutinho PO, Pusceddu FH. Análise da qualidade sanitária da areia das praias de Santos, litoral do estado de São Paulo. *Eng Sanit Ambient.* 2016 Out-Dez;21(04):777-82. doi: 10.1590/S1413-41522016149550
7. Martínez JL, Baquero F. Emergence and spread of antibiotic resistance: setting a parameter space. *Ups J M Sci.* 2014 May;119(2):68-77. doi: 10.3109/03009734.2014.901444
8. Tortora GJ, Funke BR, Case CL. Microbiology: an introduction. 12. ed. Harlow: Pearson; 2016.
9. Rodríguez EA, Jiménez-Quiceno JN, Rodríguez EA, Jiménez-Quiceno JN. Resistencia bacteriana a antibióticos en ambientes acuáticos: origen e implicaciones para la salud pública. *Rev Fac Nac Salud Pública.* 2023 Dec;41(3):e03. doi: 10.17533/udea.rfnsp.e351453
10. Bila DM, Dezotti M. Fármacos no meio ambiente. *Quím Nova.* 2003 Ago;26:523-30. doi: 10.1590/S0100-40422003000400015
11. Kraemer SA, Ramachandran A, Perron GG. Antibiotic pollution in the environment: from microbial ecology to public policy. *Microorganisms.* 2019 Jun;7(6):180. doi: 10.3390/microorganisms7060180
12. de Oliveira VB, Donato MEAL, Lima CGS, de Freitas EC, dos Santos IRF, Leal TP, et al. Impactos ambientais e toxicológicos pela contaminação de fármacos principalmente antibióticos em ambientes aquáticos. *Rev Ibero-Am Human Ciênc Educ.* 2023 Jul;9(7):838-50. doi: 10.51891/rease.v9i7.10620
13. Resende JA, Lúcia da Silva V, Diniz CG. Aquatic environments in the One Health context: modulating the antimicrobial resistance phenomenon. *Acta Limnol Bras.* 2020 Apr;32:e102. doi: 10.1590/S2179-975X4719
14. Collignon PJ, McEwen SA. One Health—its importance in helping to better control antimicrobial resistance. *Trop Med Infec Dis.* 2019 Mar;4(1):22. doi: 10.3390/tropicalmed4010022.
15. Lima M.O. Amazon, a history of impacts and environmental exposure in parallel with the installation of large projects in the region. *Rev Pan-Amaz Saude.* 2016 Jun;7(2):9-11. doi: 10.5123/S2176-62232016000200001
16. Corrêa, ES, GodoiL, Mangini, L. Avaliação e caracterização físico-química dos efluentes lançados em um corpo hídrico urbano na Amazônia. *Caderno Intersaberes*, 2022 Ago;11(34):71-86.
17. de Melo SG, Moura LS, Lopes RB, dos Santos Z, Almeida RM, da Silva JT. Qualidade da água de córregos sob influência da ocupação antrópica: o caso das águas urbanas e periurbanas de Santarém-PA. *Rev Ibero-Am Ciênc Ambient.* 2020 Ago;11(7):569-76. doi: 10.6008/CBPC2179-6858.2020.007.0044
18. Ferreira Soares J, Tobias M, Lourenço J, Arroyo JC, Silva M. As ações do Estado Brasileiro em transportes e o plano-processo da urbanização em cidades do Baixo Amazonas: o caso de Santarém-PA. *Amaz Organ Sustentab.* 2020 Dez;9:103. doi: 10.17648/aos.v9i2.2326
19. Campos DAG, Franco JM, de Abreu Filho BA, Bergamasco R, Yamaguchi NU. Avaliação da qualidade da água destinada ao consumo humano em instituição de ensino. *Rev Univ Vale Rio Verde.* 2017 Mai;15(1):289-98. doi:10.5892/ruvrd.v15i1.3340
20. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE) [Internet]. Santarém (PA) | Cidades e Estados; [citado 4 mar 2024]. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/cidades-e-estados/pa/santarem.html>.
21. Climate Data [Internet]. Clima Santarém: Temperatura, Tempo e Dados climatológicos Santarém; [citado 30 mar 2024]. Disponível em: <https://pt.climate-data.org/america-do-sul/brasil/para/santarem-4512/>.
22. Fundação Nacional da Saúde. Manual prático de análise de água. 4. ed. Brasília: Funasa; 2013.

23. Bergey DH, Holt JG, Bergey DH, editors. Bergey's manual of determinative bacteriology. 9. ed. Philadelphia (US): Lippincott Williams & Wilkins; 2000.
24. Bauer AW, Kirby WMM, Sherris JC, Turck M. Antibiotic susceptibility testing by a standardized single disk method. Am J Clin Pathol. 1966 Apr;45(4):493-6.
25. Weinstein MP. Performance standards for antimicrobial susceptibility testing: supplement M100. 30th edition. Wayne(PA): Clinical and Laboratory Standards Institute; 2020.
26. R Core Team. R: A Language and environment for statistical computing. Vienna (AT): R Foundation for Statistical Computing; 2025.
27. Oliveira A, Teixeira P, Azevedo M, Jamal SB, Tiwari S, Almeida S, et al. *Corynebacterium pseudotuberculosis* may be under anagenesis and biovar Equi forms biovar Ovis: a phylogenetic inference from sequence and structural analysis. BMC Microbiol. 2016 Jun;16(1):100. doi: 10.1186/s12866-016-0717-4
28. Alibi S, Ferjani A, Boukadida J, Cano ME, Fernández-Martínez M, Martínez-Martínez L, et al. Occurrence of *Corynebacterium striatum* as an emerging antibiotic-resistant nosocomial pathogen in a Tunisian hospital. Sci Rep. 2017 Aug;28:7(1):9704. doi: 10.1038/s41598-017-10081-y
29. Leonardo Araújo C, Alves J, Lima A, Dias L, Silva P, Marques J, et al. The genus *Corynebacterium* in the genomic era. In: Enany S, editor. Basic biology and applications of actinobacteria. IntechOpen [Internet]; 2018. doi: 10.5772/intechopen.80445
30. Levinson W. Microbiologia médica e imunologia. 13. ed. Brasil: McGraw Hill Lange; 2016.
31. Figueiredo GGO, Lopes VR, Romano T, Camara MC. Chapter 22 – *Clostridium*. In: Amaresan N, Senthil Kumar M, Annapurna K, Kumar K, Sankaranarayanan A, editors. Beneficial microbes in agro-ecology. San Diego: Academic Press; 2020. p. 477-91. doi: 10.1016/B978-0-12-823414-3.00022-8
32. López-Díaz TM, Alonso C, Román C, García-López ML, Moreno B. Lactic acid bacteria isolated from a hand-made blue cheese. Food Microbiol. 2000 Feb;17(1):23-32. doi: 10.1006/fmic.1999.0289
33. Rodríguez H, Curiel JA, Landete JM, de las Rivas B, de Felipe FL, Gómez-Cordovés C, et al. Food phenolics and lactic acid bacteria. Int J Food Microbiol. 2009 Jun;132(2):79-90. doi: 10.1016/j.ijfoodmicro.2009.03.025
34. Ribeiro MCO, Vandenberghe LPS, Spier MR, Paludo KS, Soccol CR, Soccol VT. Evaluation of probiotic properties of *Pediococcus acidilactici* B14 in association with *Lactobacillus acidophilus* ATCC 4356 for application in a soy based aerated symbiotic dessert. Braz arch Biol Technol. 2014 Oct;57(5):755-65. doi: 10.1590/S1516-8913201402258
35. Matouke MM, Nour K. Characterization of antibiotic-resistant *Staphylococcus aureus* from gills and gastro-intestinal tracts of catfish (*Clarias gariepinus*), and water samples from Jabi Lake, Abuja, Nigeria. Afr J Clin Exp Microbiol. 2019 May;20(3):231-6. doi: 10.4314/ajcem.v20i3.8
36. Araújo IM, Siqueira MMR, Ferreira MS, Mendes KP, Gonçalves CAC, Sousa ÂEDS, et al. Principais mecanismos de resistência em *Staphylococcus epidermidis*. In: Open Science Research XVIII. Científica Digital [Internet]; 2025. p. 576-87.
37. Acosta AC, Costa MM, Pinheiro Junior JW, Mota RA. Fatores de virulência de *Staphylococcus aureus*. Med Vet. 2017 mai;11(4):252-69. doi: 10.26605/medvet-n4-1955
38. World Health Organization, organizador. Antimicrobial resistance: global report on surveillance. Genève: World Health Organization; 2014.
39. Craft KM, Nguyen JM, Berg LJ, Townsend SD. Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA): antibiotic-resistance and the biofilm phenotype. Med Chem Commun. 2019 Mar;10(8):1231-41. doi: 10.1039/C9MD00044E
40. Adeolu M, Alnajjar S, Naushad S, S. Gupta R. Genome-based phylogeny and taxonomy of the 'Enterobacterales': proposal for Enterobacterales ord. nov. divided into the families Enterobacteriaceae, Erwiniaceae fam. nov., Pectobacteriaceae fam. nov., Yersiniaceae fam. nov., Hafniaceae fam. nov., Morganellaceae fam. nov., and Budviciaceae fam. nov. Int J Syst Evol Microbiol. 2016 Dec;66(12):5575-99. doi: 10.1099/ijsem.0.001485
41. Santos GS, Solidônio EG, Costa MCVV, Melo ROA, Souza IFAC, Silva-Lacerda G, et al. Study of the Enterobacteriaceae Group CESP (*Citrobacter*, *Enterobacter*, *Serratia*, *Providencia*, *Morganella* and *Hafnia*): A Review. In: Méndez-Vilas A, editor. The Battle against microbial pathogens: BasicScience, technological advances and educational programs. Recife (PE): Federal University of Pernambuco; 2015. pp. 794-805.
42. Sangeetha AV, Parija SC, Mandal J, Krishnamurthy S. Clinical and microbiological profiles of Shigellosis in children. J Health Popul Nutr. 2014 Dec;32(4):580-6.
43. Thompson CN, Duy PT, Baker S. The Rising dominance of *Shigella sonnei*: An Intercontinental shift in the etiology of bacillary dysentery. PLOS Negl Trop Dis. 2015 Jun;9(6):e0003708. doi: 10.1371/journal.pntd.0003708

44. Falcão D, Corrêa E, Falcão J. *Yersinia* spp. in the Environment: Epidemiology and virulence characteristics. *Adv Exp Med Biol.* 2003 Feb;529:341-3. doi: 10.1007/0-306-48416-1_66
45. Falcão JP, Falcão DP. Importância de *Yersinia enterocolitica* em microbiologia médica. *Rev Ciênc Farm Básica Apl.* 2006 Jan;27(1):9-19.
46. Wei JR, Lai HC. *N*-Acylhomoserine lactone-dependent cell-to-cell communication and social behavior in the genus *Serratia*. *Int J Med Microbiol.* 2006 Apr;296(2-3):117-24. doi: 10.1016/j.ijmm.2006.01.033
47. Elkattawy S, Mohammadian M, Williams N, Mowafy A, Ayad S, Noori MAM, et al. *Serratia marcescens* Endocarditis. *Cureus.* 2021 Aug;13(8):e17346. doi: 10.7759/cureus.17346
48. Hejazi A, Falkiner FR. *Serratia marcescens*. *J Med Microbiol.* 1997 Nov;46(11):903-12. doi: 10.1099/00222615-46-11-903
49. Edberg SC, Rice EW, Karlin RJ, Allen MJ. *Escherichia coli*: The best biological drinking water indicator for public health protection. *J App Microbiol.* 2000 Dec;88(S1):106S-16S. doi: 10.1111/J.1365-2672.2000.TB05338.X
50. Li L, Mendis N, Trigui H, Oliver JD, Faucher SP. The importance of the viable but non-culturable state in human bacterial pathogens. *Front Microbiol.* 2014 Jun;5:1-1. doi: 10.3389/FMICB.2014.00258/XML
51. Pinto D, Santos MA, Chambel L. Thirty years of viable but nonculturable state research: Unsolved molecular mechanisms. *Crit Rev Microbiol.* 2015 Feb;41(1):61-76. doi: 10.3109/1040841X.2013.794127
52. Peak N, Knapp CW, Yang RK, Hanfelt MM, Smith MS, Aga DS, et al. Abundance of six tetracycline resistance genes in wastewater lagoons at cattle feedlots with different antibiotic use strategies. *Environ Microbiol.* 2007 Jan;9(1):143-51. doi: 10.1111/j.1462-2920.2006.01123.x
53. Alanis AJ. Resistance to antibiotics: Are we in the post-antibiotic era? *Arch Med Res.* 2005 Nov-Dec;36(6):697-705. doi: 10.1016/j.arcmed.2005.06.009
54. Moreira BM, Daum RS. Antimicrobial resistance in staphylococci. *Pediatr Clin North Am.* 1995 Jun;42(3):619-48. doi: 10.1016/s0031-3955(16)38982-9
55. Tavares W. Bactérias gram-positivas problemas: resistência do estafilococo, do enterococo e do pneumococo aos antimicrobianos. *Rev Soc Bras Med Trop.* 2000 Jun;33:281-301. doi: 10.1590/S0037-86822000000300008
56. Bush K, Bradford PA. β -Lactams and β -Lactamase inhibitors: An Overview. *Cold Spring Harb Perspect Med.* 2016 Aug;6(8):a025247. doi: 10.1101/cshperspect.a025247
57. Tooke CL, Hinchliffe P, Bragginton EC, Colenso CK, Hirvonen VHA, Takebayashi Y, et al. β -Lactamases and β -Lactamase inhibitors in the 21st Century. *J Mol Biol.* 2019 Aug;431(18):3472-500. doi: 10.1016/j.jmb.2019.04.002
58. Schneider RN, Nadvorny A, Schmidt V. Perfil de resistência antimicrobiana de isolados de *Escherichia coli* obtidos de águas superficiais e subterrâneas, em área de produção de suínos. *Biotemas.* 2011 Jun;22(3):11-7. doi: 10.5007/2175-7925.2009v22n3p11
59. Malagi I, Sampaio SC, Pinto FGS, Rosa DM, dos Reis RR. Physicochemical quality of and *Escherichia coli* resistance profiles in urban surface waters. *Braz J Biol.* 2019 Jul-Sep;80:661-8. doi: 10.1590/1519-6984.218915
60. França P, Melloni R. Avaliação microbiológica de águas de recreação por meio da análise de resistência de bactérias heterotróficas a antibióticos. *RBRH.* 2014;19(4):107-13. doi: 10.21168/rbrh.v19n4.p107-113
61. Wambugu P, Habtu M, Impwi P, Matiru V, Kiiru J. Antimicrobial susceptibility profiles among *Escherichia coli* strains isolated from athi river water in Machakos County, Kenya. *Adv Microbiol.* 2015 Sep;5(10):711. doi: 10.4236/aim.2015.510074
62. Sommer MOA, Dantas G. Antibiotics and the resistant microbiome. *Curr Opin Microbiol.* 2011 Oct;14(5):556-63. doi: 10.1016/j.mib.2011.07.005
63. World Health Organization [Internet]. Antimicrobial resistance; 21 nov 2023 [citado em 29 abr 2025]. Disponível em: <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/antimicrobial-resistance>.
64. Rodriguez-Mozaz S, Chamorro S, Marti E, Huerta B, Gros M, Sánchez-Melsió A, et al. Occurrence of antibiotics and antibiotic resistance genes in hospital and urban wastewaters and their impact on the receiving river. *Water Res.* 2015 Feb;1:69:234-42. doi: 10.1016/j.watres.2014.11.021
65. O'Neill J. Tackling drug-resistant infections globally: final report and recommendations. London: Wellcome Trust; 2016.
66. Monteiro RFS, dos Santos VRR, Ferreira AACT, de Abreu JRG. O uso indiscriminado de antimicrobianos para o desenvolvimento de micro-organismos resistentes. *Rev Eletr Acervo Saúde.* 2020 Jul;(53):e3597. doi: 10.25248/reas.e3597.2020
67. Loureiro RJ, Roque F, Teixeira Rodrigues A, Herdeiro MT, Ramalheira E. O uso de antibióticos e as resistências bacterianas: breves notas sobre a sua evolução. *Rev Port Saúde Pública.* 2016 Jan;34(1):77-84. doi: 10.1016/j.rpsp.2015.11.003

68. Cho S, Jackson CR, Frye JG. The prevalence and antimicrobial resistance phenotypes of *Salmonella*, *Escherichia coli* and *Enterococcus* sp. in surface water. Lett Appl Microbiol. 2020 Jul;71(1):3-25. doi: 10.1111/lam.13301
69. Pará web News [Internet]. Ranking do saneamento 2024 aponta Santarém (PA) entre as três piores cidades brasileiras; 20 mar 2024 [citado em 29 abr 2025]. Disponível em: <https://parawebnews.com/ranking-do-saneamento-2024-aponta-santarem-pa-entre-as-tres-piores-cidades-brasileiras/>.