



ANÁLISE DO RESISTOMA E MOBILOMA EM BACTÉRIAS DE AMOSTRAS DE ÁGUA DO PANTANAL: IDENTIFICAÇÃO DE GENES DE RESISTÊNCIA A ANTIBIÓTICOS E MARCADORES DE TRANSFERÊNCIA HORIZONTAL

Emilly Martins Barboza¹, Luiza Helena de S Bahia², Octávio Luiz Franco^{1,2}, Robert Pogue^{1,2}

¹Biomedicina - Universidade Católica de Brasília.

²Programa de Pós-Graduação em Ciências Genômicas e Biotecnologia – Universidade Católica de Brasília.

E-mail: emilly.barboza@a.ucb.br; luiza.s.bahia@gmail.com; ocfranco@gmail.com; redward@p.ucb.br.

RESUMO

A resistência antimicrobiana constitui uma ameaça à saúde pública e ambiental, podendo comprometer o tratamento de infecções e favorecer a disseminação de genes de resistência a antibióticos (ARGs) nos ecossistemas. Este estudo investigou a ocorrência de ARGs e marcadores de mobilidade genética em amostras de água superficial do Pantanal, coletadas em quatro expedições, entre maio de 2023 e julho de 2025. As amostras foram analisadas por PCR convencional qualitativa para genes associados à resistência a diferentes classes de antibióticos e marcadores do mobiloma. blaTEM-1, sul2, tetA, sul1, tetD, strA, aac(3)-IIa, blaOXA-1, aph(3')-VIa e qnrS1 apresentaram maior frequência, enquanto IS26 e tnpA destacaram-se entre os marcadores de mobilidade. Os resultados evidenciam a presença de determinantes de resistência antimicrobiana em ambientes aquáticos do Pantanal, reforçando seu potencial como reservatório ambiental de ARGs.

Palavras-chave: resistoma 1. Mobiloma 2. Pantanal 3.

INTRODUÇÃO

A resistência antimicrobiana (RAM) constitui uma ameaça à saúde pública, comprometendo o tratamento de infecções e contribuindo para o aumento da mortalidade. Em 2019, a resistência bacteriana esteve associada diretamente a aproximadamente 1,27 milhão de mortes e contribuiu para cerca de 4,95 milhões de óbitos (Murray et al., 2022). Além dos ambientes clínicos, ecossistemas aquáticos podem atuar como reservatórios e vias de disseminação de genes de resistência a antibióticos (ARGs), recebendo microrganismos e contaminantes de diferentes fontes antrópicas (Marti et al., 2014; Zhuang et al., 2021).

O resistoma compreende o conjunto de genes de resistência presentes em uma comunidade microbiana, cuja disseminação pode ocorrer por transferência horizontal mediada por elementos genéticos móveis (Partridge et al., 2018). Nesse contexto, o Pantanal apresenta dinâmica hidrológica sazonal que influencia a disponibilidade de água e a distribuição de microrganismos e contaminantes (Junk et al., 2006). A ocorrência de atividades antrópicas no bioma reforça a importância do monitoramento de ARGs em ambientes aquáticos sob uma perspectiva de Saúde Única.

OBJETIVO



Investigar a ocorrência, a diversidade e a distribuição espaço-temporal de genes de resistência a antibióticos e marcadores associados à mobilização genética em amostras de água superficial do Pantanal, avaliando o papel desses ambientes aquáticos como potenciais reservatórios ambientais de resistência antimicrobiana.

MÉTODO

A amostragem foi realizada no Pantanal brasileiro durante a quarta expedição de campo, em julho de 2025, período correspondente à seca extrema. Foram analisadas amostras de água superficial de 11 pontos do Pantanal sul, Mato Grosso do Sul: Rio Salobra, Rio Miranda 1, Junção Salobra-Miranda, 1ª Lagoa – Park Estrada, Lagoa do Cervo, Rio Vermelho, Rio Miranda 2, Rio Paraguai, Rio Negro, Poço da Lontra e Poço do Tatu. Foram coletados 500 mL de água superficial por ponto. As amostras foram filtradas em membranas de celulose de 0,22 µm e 0,45 µm e preservadas em tampão SET (sacarose 0,75 M, EDTA 40 mM e Tris-HCl 50 mM, pH 8,0).

O DNA foi obtido a partir das membranas por lise com lisozima, proteinase K e SDS. Para recuperação de DNA plasmidial foi utilizado o Monarch® Plasmid Miniprep Kit. A concentração e pureza foram avaliadas por NanoDrop™ 2000 e Qubit™ Fluorometer. A PCR convencional foi empregada qualitativamente para 17 ARGs (sul1, sul2, tetA, tetD, floR, strA, strB, qnrS1, dfrA1, cat2, aac(3)-IIa, aph(3')-VIa, blaOXA-1, blaOXA-2, blaSHV-11, blaKPC-2 e blaTEM-1) e seis marcadores de mobilidade genética (tnpA, intl1, mobA, traA, IS26 e repA). Os produtos foram analisados em gel de agarose a 2%, com interpretação binária de presença ou ausência.

RESULTADOS

Foram detectados genes de resistência em todos os pontos analisados na quarta expedição. A distribuição apresentou heterogeneidade espacial: o número de ARGs variou de 4 no Poço da Lontra a 14 no Rio Vermelho, com média de aproximadamente $8,4 \pm 2,8$ genes por ponto. sul2 e blaTEM-1 foram detectados em todos os 11 pontos; strA em 9/11; aph(3')-VIa em 8/11; e tetA, aac(3)-IIa e qnrS1 em 7/11 pontos. Entre os genes de relevância clínico-epidemiológica, qnrS1 foi detectado em Rio Salobra, Rio Miranda 1, 1ª Lagoa Park Estrada, Rio Vermelho, Rio Miranda 2, Rio Negro e Poço do Tatu. blaKPC-2 foi identificado em Rio Salobra, Rio Miranda 1, Junção Salobra-Miranda, 1ª Lagoa Park Estrada e Rio Vermelho. blaOXA-1 ocorreu em 1ª Lagoa Park Estrada, Lagoa do Cervo, Rio Vermelho, Rio Miranda 2, Rio Paraguai e Poço do Tatu; blaOXA-2, em Rio Salobra, Junção Salobra-Miranda, Rio Vermelho e Poço do Tatu.

O Rio Vermelho apresentou a maior riqueza, com 14 ARGs, seguido por Rio Salobra, 1ª Lagoa Park Estrada e Poço do Tatu. O Poço da Lontra apresentou a menor riqueza, com quatro ARGs. A heterogeneidade pode estar relacionada a características ambientais locais, tipo de habitat, conectividade e fluxo hídrico, matéria orgânica, proximidade de fontes antrópicas e condições de seca. Essas informações podem ser observadas na Tabela 1.

Tabela 1

Análise Detalhada por Ponto de Coleta

Ponto de Coleta	Nº de Genes	Genes de maior relevância clínico-epidemiológica detectados



Rio Salobra	11	<i>blaKPC-2, blaOXA-2, blaTEM-1, blaSHV-11, qnrS1</i>
Rio Miranda 1	7	<i>blaKPC-2, blaTEM-1, qnrS1</i>
Junção Salobra-Miranda	7	<i>blaKPC-2, blaOXA-2, blaTEM-1</i>
1ª Lagoa Park Estrada	10	<i>blaKPC-2, blaOXA-1, blaTEM-1, qnrS1</i>
Lagoa do Cervo	7	<i>blaOXA-1, blaTEM-1</i>
Rio Vermelho	14	<i>blaKPC-2, blaOXA-1, blaOXA-2, blaTEM-1, blaSHV-11, qnrS1</i>
Rio Miranda 2	8	<i>blaOXA-1, blaTEM-1, blaSHV-11, qnrS1</i>
Rio Paraguai	6	<i>blaOXA-1, blaTEM-1</i>
Rio Negro	8	<i>blaTEM-1, qnrS1</i>
Poço da Lontra	4	<i>blaTEM-1</i>
Poço do Tatu	10	<i>blaOXA-1, blaOXA-2, blaTEM-1, qnrS1</i>

Nota. A Tabela 1 apresenta a síntese da riqueza de ARGs por ponto de coleta e os principais genes de maior relevância clínico-epidemiológica detectados. Fonte: Elaboração própria (2026).

CONCLUSÃO

Os resultados da quarta expedição indicam ampla ocorrência de genes de resistência a antibióticos em amostras de água superficial, com distribuição espacial heterogênea. A detecção de *sul2* e *blaTEM-1* em todos os pontos sugere um núcleo amplamente distribuído de resistência a sulfonamidas e β -lactâmicos no ambiente aquático estudado. A ocorrência de *qnrS1*, *blaKPC-2*, *blaOXA-1*, *blaOXA-2* e *blaSHV-11* reforça a relevância sanitária e ecológica do monitoramento sob uma perspectiva de Saúde Única. O Rio Vermelho apresentou a maior riqueza de ARGs e, juntamente com Rio Salobra, 1ª Lagoa Park Estrada e Poço do Tatu, constitui ponto prioritário para análises complementares. Contudo, por se tratar de PCR convencional qualitativa, os dados indicam detecção molecular dos genes-alvo, não carga quantitativa nem risco clínico direto. A metodologia também não permite determinar abundância, expressão, viabilidade, hospedeiros ou contexto genômico dos ARGs. Estudos futuros com qPCR, sequenciamento e metagenômica poderão ampliar a caracterização do resistoma e do mobiloma do Pantanal (Larsson & Flach, 2022; Franklin et al., 2024).

REFERÊNCIAS

- Franklin, A. M., Weller, D. L., Durso, L. M., Bagley, M., Davis, B. C., Frye, J. G., Grim, C. J., Ibekwe, A. M., Jahne, M. A., Keely, S. P., Kraft, A. L., McConn, B. R., Mitchell, R. M., Ottesen, A. R., Sharma, M., Strain, E. A., Tadesse, D. A., Tate, H., Wells, J. E., ... Garland, J. L. (2024). A one health approach for monitoring antimicrobial resistance: Developing a national freshwater pilot effort. *Frontiers in Water*, 6, 1359109. <https://doi.org/10.3389/frwa.2024.1359109>
- Junk, W. J., Cunha, C. N., Wantzen, K. M., Petermann, P., Strüssmann, C., Marques, M. I., & Adis, J.



- (2006). Biodiversity and its conservation in the Pantanal of Mato Grosso, Brazil. *Aquatic Sciences*, 68(3), 278–309. <https://doi.org/10.1007/s00027-006-0851-4>
- Larsson, D. G. J., & Flach, C.-F. (2022). Antibiotic resistance in the environment. *Nature Reviews Microbiology*, 20(5), 257–269. <https://doi.org/10.1038/s41579-021-00649-x>
- Marti, E., Variatza, E., & Balcázar, J. L. (2014). The role of aquatic ecosystems as reservoirs of antibiotic resistance. *Trends in Microbiology*, 22(1), 36–41. <https://doi.org/10.1016/j.tim.2013.11.001>
- Murray, C. J. L., Ikuta, K. S., Sharara, F., Swetschinski, L., Aguilar, G. R., Gray, A., Han, C., Bisignano, C., Rao, P., Wool, E., Johnson, S. C., Browne, A. J., Chipeta, M. G., Fell, F., Hackett, S., Haines-Woodhouse, G., Hamadani, B. H. K., Kumaran, E. A. P., McManigal, B., ... Naghavi, M. (2022). Global burden of bacterial antimicrobial resistance in 2019: A systematic analysis. *The Lancet*, 399(10325), 629–655. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(21\)02724-0](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(21)02724-0)
- Partridge, S. R., Kwong, S. M., Firth, N., & Jensen, S. O. (2018). Mobile genetic elements associated with antimicrobial resistance. *Clinical Microbiology Reviews*, 31(4), e00088-17. <https://doi.org/10.1128/CMR.00088-17>
- Zhuang, M., Achmon, Y., Cao, Y., Liang, X., Chen, L., Wang, H., Siame, B. A., & Leung, K. Y. (2021). Distribution of antibiotic resistance genes in the environment. *Environmental Pollution*, 285, 117402. <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2021.117402>

Financiamento: Fundação de Apoio à Pesquisa do Distrito Federal, Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico, Fundação de Apoio ao Desenvolvimento do Ensino, Ciência e Tecnologia do Estado de Mato Grosso do Sul.