

Nota Técnica: Consolidação da BR-319 e mineração de potássio impulsionarão a emergência de novos microrganismos patogênicos na Amazônia Central

Lucas Ferrante^{1,2,*} | Luis Schiesari¹ | Célio Fernando Batista Haddad³ | Leonor Patrícia Cerdeira Morellato³ | Jeremias Leão² | Alexandre Celestino⁴ | Leticia Souza Reis⁶ | Ruth Camargo Vassão⁷ | Natália Sátyro⁸ | André Marengo⁹ | Cristiana Losekann¹⁰ | Lizandro Lui¹¹ | Eduardo José Grin¹² | Unai Tupinambás¹³ | Philip Martin Fearnside¹⁴ | Izeni Farias² | Tomas Hrbek²

Introdução a problemática: Há um crescente número de estudos que apontam que o desmatamento amazônico aumentará o risco de saltos zoonóticos de patógenos de reservatórios na floresta tropical para a população humana¹⁻³. Esta nota técnica mostra novos dados que confirmam este risco e avalia, sob a perspectiva da Saúde Única (*One Health*)⁴, os impactos das obras da rodovia BR-319 e da exploração de potássio em Autazes (AM). Extensas amostragens de solo no interflúvio dos rios Purus e Madeira mostram reservatórios microbiológicos com linhagens isoladas e potencial patogênico. Uma vez que estes reservatórios haverão de ser mobilizados com mudanças no uso da terra e obras de infraestrutura, pode-se inferir que a desregulamentação ambiental promovida pelo PL nº 2159/2021 e a flexibilização dos direitos indígenas associada ao PL nº 191/2020 e à tese do Marco Temporal terão consequências para a saúde pública nas esferas local, regional, e mesmo global.

Métodos: A presente nota técnica baseia-se em um levantamento metagenômico de DNA ambiental (eDNA) realizado em 61 sítios amostrais distribuídos no interflúvio Purus-Madeira, na Amazônia Central. A amostragem abrangeu áreas ao longo dos quatro trechos da rodovia BR-319 (Lote A, Lote B, Lote C e Trecho do Meio), incluindo gradientes de distúrbio associados à proximidade da rodovia (<1 km; 1–1,5 km; 2–5 km), bem como duas áreas diretamente visadas por projetos de mineração de potássio no município de Autazes (AM), na região do Lago do Soares.

Esse delineamento permitiu a comparação entre ambientes impactados e ecologicamente preservados. A coleta de amostras de solo superficial foi conduzida segundo protocolos rigorosos de biossegurança, com uso de equipamentos de proteção individual e procedimentos padronizados de esterilização, minimizando riscos de contaminação cruzada.

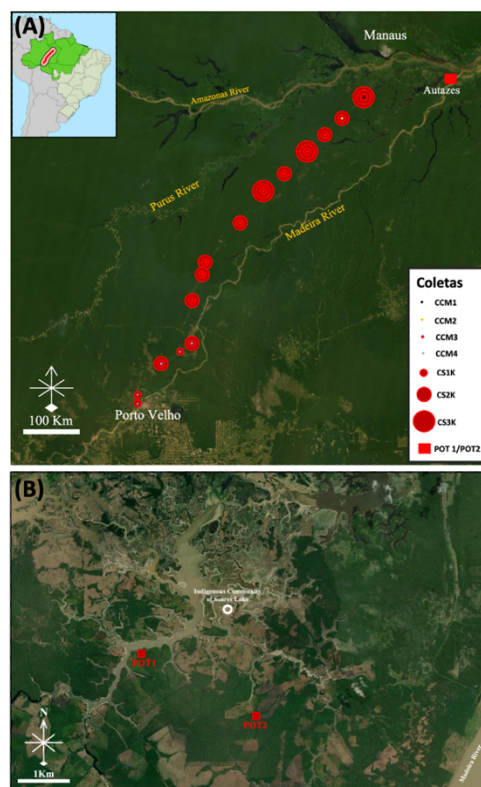


Figura 1. (A) O mapa mostra os locais de amostragem de DNA ambiental (eDNA) distribuídos ao longo do interflúvio entre os rios Purus e Madeira, na floresta amazônica. Os círculos vermelhos indicam as parcelas florestais amostradas a distâncias crescentes da rodovia BR-319: áreas degradadas a 1 km da rodovia (CS1K), áreas intermediárias de 1 a 1,5 km da margem da rodovia (CS2K) e floresta primária não perturbada de 2 a 5 km da rodovia (CS3K). Os segmentos da BR-319 (CCM1–CCM4) foram estabelecidos ao longo de um gradiente norte-sul ao longo do interflúvio entre os rios Purus e Madeira, dentro de quatro segmentos distintos da rodovia: Segmento B (CCM1), Segmento C (CCM2), Segmento Central (CCM3) e

Segmento A (CCM4). Os principais rios (Amazonas, Purus e Madeira) e centros urbanos (Manaus e Porto Velho) são mostrados para referência espacial. O quadrado vermelho marca a localização de áreas de mineração de potássio (POT1/POT2) em Autazes. **(B)** Mapa da comunidade indígena do Lago do Soares e das duas áreas visadas para a extração de potássio (POT1 e POT2).

As amostras foram inicialmente processadas na Universidade Federal do Amazonas (UFAM) e na Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” (UNESP), campus de Rio Claro, no âmbito do Centro de Estudos em Biodiversidade e Mudanças Climáticas (CBioClima), um centro de pesquisa interdisciplinar dedicado à investigação dos efeitos das mudanças ambientais e climáticas sobre a biodiversidade, os sistemas ecológicos e a saúde humana. A extração de eDNA foi seguida pela construção de bibliotecas genômicas e pelo sequenciamento metagenômico de alto rendimento em plataforma Illumina⁵. As leituras brutas passaram por controle de qualidade, com remoção de sequências de baixa qualidade e filtragem de DNA não microbiano^{6,7}. A caracterização taxonômica foi realizada com o pipeline MetaPhlAn⁸, e a análise funcional com o pipeline HUMAnN, utilizando os bancos KEGG, eggNOG, Pfam e MetaCyc⁹⁻¹². A divergência taxonômica e funcional entre áreas foi avaliada por análises multivariadas (PCoA, NMDS) e testes de similaridade (ANOSIM), com normalização por reads por kilobase¹³.

RESULTADOS: As análises metagenômicas revelaram que as áreas avaliadas no interflúvio Purus–Madeira abrigam comunidades microbianas altamente diversas, com forte diferenciação taxonômica e funcional entre áreas associadas à rodovia BR-319, zonas mais preservadas e regiões diretamente visadas pela mineração de potássio em Autazes. A estrutura taxonômica indicou enriquecimento de filos bacterianos de relevância médica, como Actinobacteria e Proteobacteria, particularmente nas áreas

de mineração e em trechos mais isolados da BR-319 (Figura 2a).

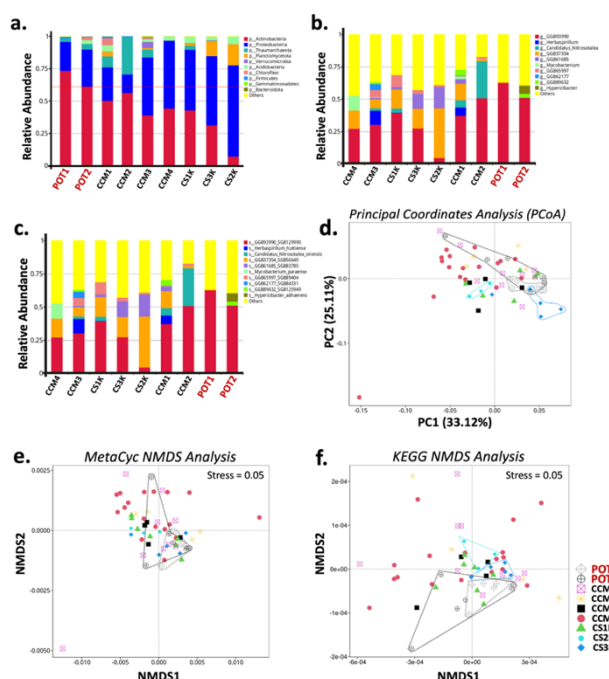


Figura 2. I (A) Reservatórios de matéria escura microbiana em áreas visadas para mineração de potássio e ao longo da rodovia BR-319: a. A abundância relativa de filos bacterianos mostra enriquecimento de grupos de relevância médica em POT1, POT2 e nos trechos da rodovia BR-319. **(B)** A abundância relativa de gêneros bacterianos indica a presença de novos gêneros ocorrendo na região entre os rios Purus e Madeira. **(C)** Análises de abundância relativa revelam que a maioria das espécies bacterianas identificadas na região entre os rios Purus e Madeira não foram descritas anteriormente. **(D)** A Análise de Coordenadas Principais (PCoA) revela divergência taxonômica de POT1 e POT2 em relação a áreas relativamente não perturbadas já influenciadas pela rodovia BR-319, que provavelmente serão ainda mais afetadas se a estrada for pavimentada, indicando comunidades microbianas isoladas. **(E)** A Análise de Escalonamento Multidimensional Não Métrico (NMDS) baseada em perfis funcionais do MetaCyc mostra agrupamento distinto de POT1 e POT2, corroborando sua singularidade funcional. **(F)** A análise de escalonamento multidimensional não métrico (NMDS) baseada nos perfis funcionais da Enciclopédia de Genes e Genomas de Kyoto (KEGG) mostra um agrupamento distinto de POT1 e POT2, sugerindo capacidades metabólicas únicas.

Em níveis taxonômicos mais finos, observou-se elevada proporção de gêneros e espécies previamente não descritos, caracterizando a presença de reservatórios de “matéria escura microbiana” evolutivamente isolados (Figuras 2b e 2c). As áreas-alvo de mineração (POT1 e POT2) apresentaram composição microbiana marcadamente distinta das áreas ao longo

da BR-319, conforme evidenciado pelas análises de ordenação multivariada (PCoA e NMDS), que demonstraram agrupamento consistente e isolado dessas amostras no espaço taxonômico e funcional (Figuras 2d–f). As análises funcionais corroboraram a singularidade dessas comunidades, revelando enriquecimento significativo de vias metabólicas, ortólogos e domínios proteicos associados à virulência, resistência antimicrobiana, secreção de toxinas e transferência horizontal de genes (Figura 3). Esses reservatórios foram especialmente pronunciados nos solos raros associados ao potássio e em áreas de floresta primária localizadas entre 2 à 5 km do Trecho do meio da rodovia.

a caixa preta delimita a seção central da BR-319 e as linhas tracejadas roxas indicam a presença de características associadas a bactérias patogênicas, função do gene ou proteína [V = Virulência], [T = Toxicidade], [AR= Resistência a antibiótico e/ou efluxo celular].

Genes ligados a sistemas de secreção bacteriana, bombas de efluxo e regulação de respostas ao estresse apresentaram abundâncias significativamente maiores nas áreas de mineração e na área do trecho do meio da BR-319 (Figura 3). Em conjunto, os resultados demonstram que a abertura de infraestrutura e mineração incide sobre ambientes que funcionam como reservatórios microbianos altamente especializados, cuja perturbação pode mobilizar linhagens bacterianas com potencial impacto ecológico e sanitário, reforçando os riscos à saúde pública e à segurança biológica regional e global.

CONCLUSÃO: Em síntese, nossos resultados demonstram que amplas regiões da Amazônia Central abrigam reservatórios evolutivamente isolados de matéria escura microbiana, caracterizados por elevada diversidade taxonômica e funcional e pela frequente ocorrência de genes associados à virulência, à resistência antimicrobiana, à secreção de toxinas e à transferência horizontal de genes, configurando assim riscos substanciais à saúde pública e à segurança biológica em escala local, regional e global. A perturbação desses sistemas pode desencadear sérios desdobramentos ecológicos e epidemiológicos, uma vez que tais reservatórios permaneceram confinados por longos períodos de tempo devido à integridade ambiental da região.

Nesse contexto, iniciativas legislativas que fragilizam o licenciamento ambiental, como o PL nº 2159/2021, representam um risco iminente à saúde pública ao dispensarem de avaliação ambiental adequada empreendimentos que incidem sobre áreas ecologicamente sensíveis. Esse risco é particularmente

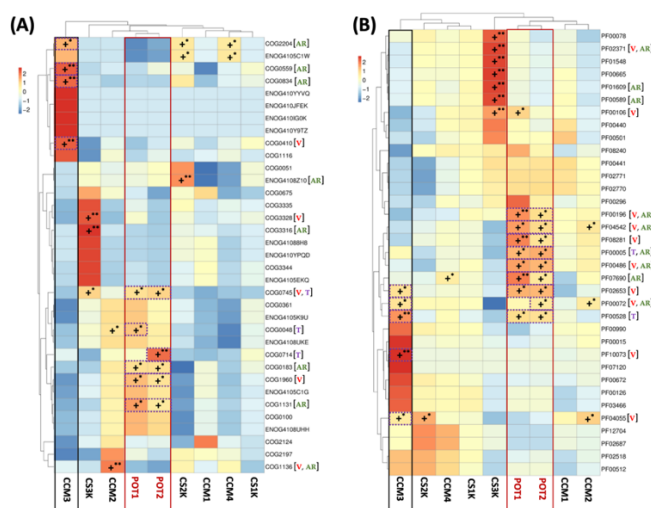


Figura 3 | Mapas de abundância de grupos ortólogos (eggNOG) e famílias de proteínas (Pfam) em amostras da região interfluvial Purus-Madeira. **(A).** Distribuição da abundância relativa dos 35 principais grupos ortólogos (eggNOG) dominantes em todas as amostras. **(B).** Distribuição da abundância relativa das 35 principais famílias de proteínas (Pfam) dominantes em todas as amostras. Em ambos os mapas de calor, o eixo X representa os nomes das amostras ou grupos, e o eixo Y indica os grupos ortólogos ou famílias de proteínas. Árvores de agrupamento hierárquico são mostradas no lado esquerdo de cada painel. Os valores do mapa de calor correspondem aos escores Z, calculados pela normalização dos dados de abundância relativa por grupo. A escala de cores à direita indica os valores dos escores Z: valores negativos refletem abundância abaixo da média, enquanto valores positivos indicam abundância acima da média. +** e +* indicam valores extremamente significativos e significativos, respectivamente, para a presença de grupos ortólogos ou proteínas associadas à patogenicidade, funções de bactérias patogênicas, toxicidade e resistência a antibióticos. A caixa vermelha delimita as áreas destinadas à extração de potássio,

crítico no Trecho do Meio da rodovia BR-319, onde nossos dados identificam reservatórios microbianos altamente especializados, enriquecidos em genes de patogenicidade e resistência antimicrobiana, cuja mobilização e posterior disseminação pode ser catalisada pela infraestrutura e fluxo humano na região. Ressalta-se que a degradação ambiental associada ao desmatamento no trecho do meio da BR-319, ao aumento da trafegabilidade e à intensificação da circulação humana tem contribuído de forma significativa para a expansão de patógenos de relevância em saúde pública, como a malária¹⁴. Esses processos alteram a dinâmica ecológica de vetores e hospedeiros, ampliando áreas de risco e favorecendo a reemergência da doença. Adicionalmente, já foi registrada no trecho do meio da rodovia BR-319, a emergência e disseminação de uma nova linhagem do vírus *Oropouche*, cujos impactos ultrapassaram as fronteiras brasileiras, evidenciando o potencial de transbordamento regional e internacional de patógenos associados a mudanças ambientais na Amazônia¹⁵.

Da mesma forma, o PL nº 191/2020 e a tese do Marco Temporal ampliam a vulnerabilidade de territórios que historicamente se mantiveram ecologicamente estáveis em função da presença indígena e de seus modos de vida sustentáveis e harmônicos com o ambiente, que atuaram como um verdadeiro serviço ecossistêmico de contenção microbiológica¹⁶. Esse é o caso do território tradicionalmente ocupado pelo povo Mura no Lago do Soares, em Autazes, cuja ocupação contínua está documentada desde o início do século XX, conforme registros etnográficos clássicos publicados em *L'Anthropologie* em 1923¹⁷. É amplamente documentado que atividades minerárias promovem intensa perturbação física do solo, favorecendo a mobilização e disseminação de microrganismos previamente isolados¹⁸⁻²⁰. À luz dos

resultados apresentados, recomenda-se, portanto, a suspensão imediata de qualquer atividade de mineração de potássio em Autazes, uma vez que tais empreendimentos incidem diretamente sobre reservatórios microbianos ricos em genes de virulência, resistência antimicrobiana e toxicidade, com potencial de desencadear eventos sanitários de grande magnitude.

Ressalta-se, ainda, que a região amazônica carece de capacidade institucional, laboratorial e epidemiológica para detectar e conter precocemente a emergência de novos agentes infecciosos antes que estes ultrapassem as fronteiras nacionais, convertendo-se em uma crise sanitária global. Trata-se, portanto, de um risco concreto, ancorado tanto nos dados aqui apresentados quanto em literatura científica consolidada^{21,22}.

Diante desse cenário, o PL nº 2159/2021 deve ser revogado e considerado materialmente inconstitucional por violar o princípio consagrado no artigo 225 da Constituição Federal, que assegura a todos o direito a um meio ambiente ecologicamente equilibrado como condição essencial à saúde e à vida. O mesmo se aplica ao PL nº 191/2020 e à tese do Marco Temporal, uma vez que a não demarcação e a abertura desses territórios à exploração industrial não ameaçam apenas os povos indígenas que neles habitam, mas ampliam riscos sistêmicos à saúde pública global, ao expor reservatórios microbianos que permaneceram intactos justamente em função da ausência histórica de degradação ambiental.

Por fim, recomenda-se não apenas a não pavimentação da rodovia BR-319, mas também a suspensão imediata das atividades de manutenção atualmente realizadas pelo DNIT, bem como a desintrusão das áreas irregularmente ocupadas no Trecho do Meio, em razão dos riscos ambientais, sanitários e de segurança biológica evidenciados pelos dados apresentados.

REFERÊNCIAS

1. Ellwanger, J.H., Kulmann-Leal, B., Kaminski, V.L., Valverde-Villegas, J.M., da Veiga, A.B.G., Spilki, F.R., Fearnside, P.M., Caesar, L., Giatti, L.L., Wallau, G.L., Almeida, S.E.M., Borba, M.R., da Hora, V.P. & Chies, J.A.B. 2020. Beyond diversity loss and climate change: Impacts of Amazon deforestation on infectious diseases and public health. *Annals of the Brazilian Academy of Sciences* 92(1): art. e20191375. <https://doi.org/10.1590/0001-3765202020191375>
2. Ellwanger, J.H., Fearnside, P.M., Ziliotto, M., Valverde-Villegas, J.M., da Veiga, A.B.G., Vieira, G.F., Bach, E., Cardoso, J.C., Müller, N.F.D., Lopes, G., Caesar, L., Kulmann-Leal, B., Kaminski, V.L., Silveira, E.S., Spilki, F.R., Weber, M.N., Almeida, S.E.M., da Hora, V.P. & Chies, J.A.B. 2022. Synthesizing the connections between environmental disturbances and zoonotic spillover. *Annals of the Brazilian Academy of Sciences* 94(3): art. e20211530. <https://doi.org/10.1590/0001-3765202220211530>
3. Keesing, F., Belden, L.K., Daszak, P., Dobson, A., Harvell, C.D., Holt, R.D., Hudson, P., Jolles, A., Jones, K.E., Mitchell, C.E., Myers, S.S., Bogich, T. & Ostfeld, R.S. 2010. Impacts of biodiversity on the emergence and transmission of infectious diseases. *Nature* 468: 647–652. <https://doi.org/10.1038/nature09575>
4. Mackenzie, J.S. & Jeggo, M. 2019. The One Health approach—Why is it so important? *Tropical Medicine and Infectious Disease* 4: 88. <https://doi.org/10.3390/tropicalmed4020088>
5. Kozarewa, I. & Turner, D.J. 2011. 96-plex molecular barcoding for the Illumina Genome Analyzer. *Methods in Molecular Biology* 733: 279–298. https://doi.org/10.1007/978-1-61779-089-8_20
6. Bolger, A.M., Lohse, M. & Usadel, B. 2014. Trimmomatic: A flexible trimmer for Illumina sequence data. *Bioinformatics* 30: 2114–2120. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu170>
7. Nayfach, S. & Pollard, K.S. 2016. Toward accurate and quantitative comparative metagenomics. *Cell* 166: 1103–1116. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2016.08.007>
8. Blanco-Míguez, A., Beghini, F., Cumbo, F., McIver, L.J., Thompson, K.N., Zolfo, M., Manghi, P., Dubois, L., Huang, K.D., Thomas, A.M., Nickols, W.A., Piccinno, G., Piperni, E., Punčochář, M., Valles-Colomer, M., Tett, A., Giordano, F., Davies, R., Wolf, J., Berry, S.E., Spector, T.D., Franzosa, E.A. & Segata, N. 2023. Extending and improving metagenomic taxonomic profiling with uncharacterized species using MetaPhlAn 4. *Nature Biotechnology* 41: 1633–1644. <https://doi.org/10.1038/s41587-023-01688-w>
9. Franzosa, E.A., McIver, L.J., Rahnavard, G., Thompson, L.R., Schirmer, M., Weingart, G., Lipson, K.S., Knight, R., Caporaso, J.G., Segata, N. & Huttenhower, C. 2018. Species-level functional profiling of metagenomes and metatranscriptomes. *Nature Methods* 15: 962–968. <https://doi.org/10.1038/s41592-018-0176-y>
10. Kanehisa, M. & Goto, S. 2000. KEGG: Kyoto encyclopedia of genes and genomes. *Nucleic Acids Research* 28: 27–30. <https://doi.org/10.1093/nar/28.1.27>
11. Huerta-Cepas, J., Szklarczyk, D., Heller, D., Hernández-Plaza, A., Forslund, S.K., Cook, H., Mende, D.R., Letunic, I., Rattei, T., Jensen, L.J., von Mering, C. & Bork, P. 2019. eggNOG 5.0: A hierarchical, functionally and phylogenetically annotated orthology resource based on 5090 organisms and 2502 viruses. *Nucleic Acids Research* 47: D309–D314. <https://doi.org/10.1093/nar/gky1085>
12. Finn, R.D., Clements, J. & Eddy, S.R. 2016. The Pfam protein families database. *Nucleic Acids Research* 44: D279–D285. <https://doi.org/10.1093/nar/gkv1344>
13. Clarke, K.R. 1993. Non-parametric multivariate analyses of changes in community structure. *Australian Journal of Ecology* 18: 117–143. <https://doi.org/10.1111/j.1442-9993.1993.tb00438.x>
14. Ferrante, L. & Fearnside, P.M. 2024. Brazil's Amazon oxygen crisis: How lives and health were sacrificed during the peak of COVID-19 to promote an agenda with long-term consequences for the environment, Indigenous peoples, and health. *Journal of Racial and Ethnic Health Disparities* 11: 1501–1508. <https://doi.org/10.1007/s40615-023-01626-1>
15. Naveca, F.G., Nascimento, V.A., de Souza, V.C., Nunes, B.T.D., Rodrigues, S.G., Vasconcelos, J.M., Figueiredo, L.T.M. & Mourão, M.P.G. 2024. Human outbreaks of a novel reassortant

- Oropouche virus in the Brazilian Amazon region. *Nature Medicine* 30: 3509–3521. <https://doi.org/10.1038/s41591-024-03300-3>
16. Ferrante, L., Barbosa, R.I., Duczmal, L. & Fearnside, P.M. 2021. Brazil's planned exploitation of Amazonian Indigenous lands for commercial agriculture increases risk of new pandemics. *Regional Environmental Change* 21: 81. <https://doi.org/10.1007/s10113-021-01819-6>
 17. Tastevin, C. 1923. Les Indiens Mura de la région de l'Autaz (Haut-Amazone). *L'Anthropologie* 33: 509–533.
 18. Ladrera, R., Cañedo-Argüelles, M. & Prat, N. 2017. Impact of potash mining in streams: The Llobregat basin (northeast Spain) as a case study. *Journal of Limnology* 76: 1–11. <https://doi.org/10.4081/jlimnol.2016.1525>
 19. Kazemi, A., Rahmati, O., Golian, S., Mosavi, A. & Tiefenbacher, J.P. 2024. Mineral pollutants and coliform contamination in groundwater pose health risks to consumers: A spatiotemporal study in a mining-impacted area. *Scientific Reports* 14: 26293. <https://doi.org/10.1038/s41598-024-77721-y>
 20. Kuznetsov, V., Kuznetsova, E., Pavlov, S. & Mikhaylov, A. 2023. Environmental aspects of potash mining: A case study of the Verkhnekamskoe deposit. *Mining* 3: 11. <https://doi.org/10.3390/mining3020011>
 21. Brown, C.L., Karthikeyan, S., Eramo, A., Mulligan, M.E., Pruden, A. & Vikesland, P.J. 2024. Selection and horizontal gene transfer underlie microdiversity-level heterogeneity in resistance gene fate during wastewater treatment. *Nature Communications* 15: 5412. <https://doi.org/10.1038/s41467-024-49742-8>
 22. Lund, D., Parras-Moltó, M., Inda-Díaz, J.S., Ebmeyer, S., Larsson, D.G.J., Johnning, A. & Kristiansson, E. 2025. Genetic compatibility and ecological connectivity drive the dissemination of antibiotic resistance genes. *Nature Communications* 16: 2595. <https://doi.org/10.1038/s41467-025-57825-3>

Autores: Lucas Ferrante^{1,2,*} | Luis Schiesari¹ | Célio Fernando Batista Haddad³ | Leonor Patrícia Cerdeira Morellato³ | Jeremias Leão² | Alexandre Celestino⁴ | Leticia Sarturi Pereira⁵ | Leticia Souza Reis⁶ | Ruth Camargo Vassão⁷ | Natália Sátyro⁸ | André Marenco⁹ | Cristiana Losekann¹⁰ | Lizandro Lui¹¹ | Eduardo José Grin¹² | Unai Tupinambás¹³ | Philip Martin Fearnside¹⁴ | Izeni Farias² | Tomas Hrbek

¹ Escola de Artes, Ciências e Humanidades (EACH), Universidade de São Paulo (USP), São Paulo, SP, Brasil.

² Departamento de Genética, Universidade Federal do Amazonas (UFAM), Manaus, AM, Brasil.

³ Departamento de Biodiversidade e Centro de Aquicultura (CAUNESP), Universidade Estadual Paulista (UNESP), Rio Claro, SP, Brasil.

⁴ Universidade Federal de São João del-Rei (UFSJ), Departamento de Educação Física (DEFIM), Ouro Branco, MG, Brasil.

⁵ Universidade Federal de São Paulo (Unifesp), São Paulo, SP, Brasil.

⁶ Instituto de Saúde Coletiva (ISC), Universidade Federal da Bahia (UFBA), Salvador, BA, Brasil.

⁷ Aposentada, Laboratório de Biologia Celular, Instituto Butantan, São Paulo, SP, Brasil.

⁸ Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG), Belo Horizonte, MG, Brasil.

⁹ Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS), Porto Alegre, RS, Brasil.

¹⁰ Universidade Federal do Espírito Santo (UFES), Centro de Ciências Humanas e Naturais, Vitória, ES, Brasil.

¹¹ Escola de Políticas Públicas e Governo, Fundação Getúlio Vargas (FGV), Brasília, DF, Brasil.

¹² Fundação Getúlio Vargas (FGV), Escola de Administração de Empresas de São Paulo, São Paulo, SP, Brasil.

¹³ Departamento de Clínica Médica, Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG), Belo Horizonte, MG, Brasil.

¹⁴ Departamento de Dinâmica Ambiental, Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia (INPA), Manaus, AM, Brasil.

*Autor Correspondente: Dr. Lucas Ferrante (lucasferrante@hotmail.com)

Citar como: Ferrante, L., Schiesari, L., Haddad, C.F.B., Morellato, L.P.C., Williams, E., Leão, J., Celestino, A., Pereira, L.S., Reis, L.S., Vassão, R.C., Sátyro, N., Marenco, A., Losekann, C., Lui, L., Grin, E.J., Tupinambás, U., Fearnside, P.M., Farias, I. & Hrbek, T. (2026). "Nota Técnica: Consolidação da BR-319 e mineração de potássio impulsionarão a emergência de novos microrganismos patogênicos na Amazônia Central". *Centro de Pesquisa em Biodiversidade e Mudanças do Clima (CBioClima) & Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia Qualidade de Governo e Políticas para o Desenvolvimento Sustentável (INCT QualiGov)*. Data de publicação 8 de janeiro de 2025.