

TÍTULO: ASSOCIAÇÃO DO USO DE CAMA DE AVIÁRIO NA AGRICULTURA COM A PRESENÇA DE BACTÉRIAS RESISTENTES A ANTIMICROBIANOS EM LAGOAS DE IRRIGAÇÃO DE SÃO JOSÉ DO VALE DO RIO PRETO, RIO DE JANEIRO

AUTORES: LOPES, E.S.; PARENTE, C.E.T.; PICÃO, R.C.; SELDIN, L.

INSTITUIÇÃO: INSTITUTO DE MICROBIOLOGIA PAULO DE GÓES, CENTRO DE CIÊNCIAS DA SAÚDE (CCS) - UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO DE JANEIRO, RIO DE JANEIRO, RJ (AVENIDA CARLOS CHAGAS FILHO, 373 - CIDADE UNIVERSITÁRIA, ILHA DO FUNDÃO - CEP. 21941-902, RIO DE JANEIRO - RJ, BRASIL)

A cama de aviário é considerada um excelente fertilizante para solos agrícolas, entretanto, pode conter metabólitos bioativos de antimicrobianos e bactérias resistentes, a partir do uso indiscriminado de antimicrobianos na avicultura. Esse material pode ser mobilizado para águas superficiais e subterrâneas através de processos erosivos, contribuindo para a disseminação de genes de resistência no meio ambiente. Nesse contexto, o presente estudo teve como objetivo determinar a comunidade bacteriana presente na água superficial de quatro lagoas utilizadas como fonte de irrigação de culturas agrícolas em áreas hortifrutigranjeiras de São José do Vale do Rio Preto, RJ. Foram realizadas duas amostragens: no final da estação chuvosa e no início da estação chuvosa. O DNA obtido das amostras de água foi amplificado por PCR utilizando iniciadores para: (i) o gene que codifica o 16S rRNA; (ii) genes *qnr*, *aac(6')-Ib-cr* e *qepA*, que codificam resistência a fluoroquinolonas; (iii) *int1* e *int2*, que codificam integrases de classe 1 e 2, respectivamente; (iv) *sul1* e *sul2*, que codificam resistência a sulfonamidas; (v) *bla_{CTX-M}*, *bla_{SHV}*, *bla_{TEM}*, *bla_{GES}*, *bla_{FOX}*, *bla_{MIR}*, *bla_{ACT}*, *bla_{MOX}*, *bla_{CMY}*, *bla_{DHA}* e *bla_{ACC}*, que codificam resistência a β-lactâmicos. A presença dos genes *sul1*, *sul2*, *int1*, *int2*, *bla_{GES}*, *bla_{TEM}* e *bla_{SHV}* em três lagoas pode indicar o risco da disseminação desses genes. Através do sequenciamento de nova geração do gene que codifica o 16S rRNA, foi observado que a estrutura e a composição da comunidade bacteriana foram significativamente diferentes entre as quatro lagoas e entre as amostragens, e podem ter sido influenciadas por fatores hidrometeorológicos. A partir do isolamento em meio de cultura CHROMagar suplementado com antimicrobianos, estirpes bacterianas selecionadas foram submetidas à identificação por MALDI-TOF/MS. Estirpes de *Escherichia* sp. resistentes à ciprofloxacina foram identificadas apenas em amostras de uma lagoa. Estirpes resistentes à sulfametoxazol e/ou ceftriaxona isoladas das quatro lagoas foram identificadas em gêneros clinicamente importantes como *Chryseobacterium*, *Aeromonas*, *Elizabethkingia*, *Escherichia*, *Klebsiella*, *Enterobacter*, *Proteus*, *Citrobacter* e *Serratia*. Os resultados deste estudo podem indicar um potencial risco da disseminação da resistência bacteriana a antimicrobianos no ambiente, considerando a contaminação dos solos fertilizados com a cama de aviário e o uso de águas superficiais para irrigação de culturas agrícolas.

Palavras-chave: Bactérias resistentes, genes de resistência a antimicrobianos, fluoroquinolonas, β-lactâmicos, sulfonamidas

Agência de Fomento: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES)