

TÍTULO: BACTÉRIA RESISTENTE A METAIS TRAÇO E ANTIBIÓTICOS ISOLADA DE SOLO ESTUARINO CONTAMINADO COM REJEITO DE MINA DA BARRAGEM DE FUNDÃO - DESASTRE DA SAMARCO

AUTORES: DEFALCO, T.; VASCONCELOS, A.L.S.; NÚÑEZ-MONTERO, K.; ANDREOTE, F.D.

INSTITUIÇÃO: ESCOLA SUPERIOR DE AGRICULTURA LUIZ DE QUEIROZ, UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO – ESALQ/USP

RESUMO

A atividade da indústria de mineração está associada à descarga de metais pesados no meio ambiente. Em 2015, o rompimento da barragem de rejeitos de mineração em Mariana, Minas Gerais, sudeste do Brasil, liberou cerca de 50 milhões de m³ de lodo tóxico (contendo ferro e manganês) no Rio Doce. A lama percorreu mais de 650 km, causando graves danos em áreas protegidas. As recidivas emissões e o acúmulo do rejeito com contaminantes, como metais pesados, comprometem os ecossistemas, pois os metais pesados em altas concentrações causam toxicidade, persistência, bioacumulação e biomagnificação. Certos microrganismos podem resistir à toxicidade de metais pesados em altas concentrações. O impacto que os metais causam na comunidade microbiana torna-se um tópico proeminente frente a preocupação ambiental, devido sua importância no funcionamento do ecossistema, no ciclo biogeoquímico e na particularidade do microbioma presente em ambientes estuarinos. Por meio de métodos dependentes de cultivo, isolamos uma bactéria que foi exposta a variadas concentrações de diferentes metais pesados e antibióticos. Foi realizado o sequenciamento genômico e a montagem do genoma resultou em 2 contigs, um cromossomo único de 3.721.772 pb e um plasmídeo de 1.999 pb. Este genoma mostrou 61 x cobertura, 41,7% de conteúdo GC e alta qualidade, tendo 99,59% de completude e ≤5% de contaminação (0,21%). A cepa 3A foi identificada como uma espécie de *Bacillus safensis* por comparação 16S rRNA BLASTn e análise de identidade de nucleotídeo média (ANI) no servidor online JSpeciesWS, que mostrou 98,46% de ANI blast (ANIb) com *B. safensis* PgKB20. A anotação mostrou que o genoma 3A possui 3.835 sequências codificantes e 105 RNAs, incluindo 53 tRNAs e 8 rRNAs. Entre os genes anotados, vários genes putativos de resistência a metais e antibióticos foram identificados, ou seja, proteína de resistência a cobalto-zinco-cádmio CzcD, proteínas de resistência ao cobre CopD, CopC e Bcr / CflA, e um gene de resistência a antibióticos β-lactamase (no plasmídeo). Bactérias que estão presente nesses ambientes contaminados, passam por pressões seletivas e desenvolvem mecanismos que podem ser utilizados como bioindicadores. Encontrar microrganismos resistentes que foram expostos a esse tipo de toxicidade se torna ainda mais relevante, aumentando a chance de isolamento de bactérias potenciais para aplicações biotecnológicas, visando a remediação e recuperação de áreas contaminadas por metais.

Palavras-chaves: Gene resistência; Metal-traço; Antibiótico; *Bacillus*

Agradecimentos: CAPES-FAPEMIG-FAPES-CNPq-ANA N° 6/2016 - Apoio a Redes de Pesquisa para Recuperação da Bacia do Rio Doce