



ANÁLISE METAGENÔMICA DE POPULAÇÕES MICROBIANAS DE BACTÉRIAS EM SOLO DA CAATINGA E A PROSPECÇÃO DE LINHAGENS E GENES DE RESISTÊNCIA A ANTIMICROBIANOS.

Maria das Graças Morais de Medeiros¹, Igor Luiz Vieira de Lima Santos²

RESUMO

As bactérias estão presentes nos mais diversos ambientes, tais como a água, os alimentos, plantas, animais e também no solo. Possuem um intervalo de reprodução bastante curto e se disseminam de maneira rápida, além de possuírem capacidades naturais de adaptação e reagirem a condições ambientais comuns ou não, isso por possuírem grande plasticidade genética. O solo atua como um sistema de abrigo para diversos microrganismos, proporcionando um habitat natural, o que favorece a troca de material genético e conseqüentemente a disseminação de genes. Os antibióticos estão entre as classes farmacológicas mais importantes. Porém, seu uso indevido resulta na aceleração do processo natural de resistência das bactérias, apresentando riscos à saúde populacional de modo geral. O objetivo geral foi realizar um estudo de identificação de microrganismos bacterianos presentes em solo da caatinga e analisar a presença de linhagens e genes que conferem resistência a antibióticos nessa população. A metodologia foi baseada na utilização de técnicas da biologia molecular e da bioinformática, com o propósito de identificar e avaliar populações presentes em três amostras de solo, abrangendo ambientes urbanos e mais afastados desta zona. Como resultados, foram observadas populações microbianas patogênicas e não patogênicas, além da presença evidente de resistência a antimicrobianos, convergindo a preocupações com relação ao uso indiscriminado de antibióticos e a resistência. O isolamento e a identificação de microrganismos presentes no solo da caatinga são de grande importância científica, social e econômica, pois auxiliam na busca por mecanismos de resistência aos antimicrobianos e em como buscar soluções.

Palavras-chave: Bactérias, Solo, Análise metagenômica.

¹Graduanda em Bacharelado em Farmácia, Unidade Acadêmica de Saúde, UFCG, Cuité, PB, e-mail: medeirosmaria1995@gmail.com

² Doutor em Biotecnologia, Professor Adjunto, Unidade Acadêmica de Biologia e Química, UFCG, Cuité, PB, e-mail: igorsantosufcg@gmail.com



***METAGENOMIC ANALYSIS OF MICROBIAN BACTERIA POPULATIONS IN
CAATINGA SOIL AND THE PROSPECTION OF ANTIMICROBIAN RESISTANCE
LINES AND GENES.***

ABSTRACT

Bacteria are present in the most diverse environments, such as water, food, plants, animals and also in the soil. They have a very short reproduction interval and spread rapidly, and have natural adaptive capacities and react to common environmental conditions or not, because of their great genetic plasticity. The soil acts as a shelter system for various microorganisms, providing a natural habitat, which favors the exchange of genetic material and consequently the spread of genes. Antibiotics are among the most important pharmacological classes. However, its misuse results in the acceleration of the natural process of resistance of bacteria, presenting risks to population health in general. The general objective was to carry out a study of identification of bacterial microorganisms present in caatinga soil and to analyze the presence of strains and genes that confer resistance to antibiotics in this population. The methodology was based on the use of molecular biology and bioinformatics techniques, with the purpose of identifying and evaluating populations present in three soil samples, covering urban environments and furthest from this zone. As a result, pathogenic and non-pathogenic microbial populations were observed, as well as the evident presence of antimicrobial resistance, converging on concerns regarding indiscriminate antibiotic use and resistance. The isolation and identification of microorganisms present in the caatinga soil are of great scientific, social and economic importance, as they help in the search for mechanisms of resistance to antimicrobials and in how to look for solutions.

Keywords: Bacteria, Soil, Metagenomic analysis.