



ANÁLISE DA MICROBIOTA INTESTINAL DE TRUTA ARCO-ÍRIS (*Oncorhynchus mykiss*, WALBAUM) E SEU AMBIENTE AQUÁTICO NA REGIÃO SERRANA DO ESTADO DO RIO DE JANEIRO

Nayara Borges Sampaio¹, Olney Vieira da Motta²

A truticultura é uma atividade aquícola amplamente desenvolvida nas regiões Sul e Sudeste do Brasil, incluindo a região serrana do Estado do RJ, alvo deste estudo. A antibioticoterapia é adotada na profilaxia e tratamento de doenças bacterianas. No entanto, estes fármacos atuam em bactérias comensais e patogênicas da microbiota intestinal de peixes saudáveis e doentes, o que aumenta a presença de resíduos no ambiente se utilizados de forma indiscriminada, favorecendo a pressão seletiva de bactérias resistentes aos antimicrobianos e ao aumento da transferência horizontal de genes de resistência entre diversas populações bacterianas. O trabalho teve como objetivo realizar o levantamento de microrganismos comensais e patogênicos cultiváveis do conteúdo intestinal de trutas arco-íris (*Oncorhynchus mykiss*) e seu ambiente aquático para pesquisa de bactérias multirresistentes aos antimicrobianos e fatores de patogenicidade circulantes na região. Foram coletados 50 peixes da espécie *O. mykiss* e 9 amostras de água dos tanques ativos. Destes, obteve-se 222 isolados bacterianos, e posteriormente foi avaliado o perfil de suscetibilidade aos antimicrobianos. Do total de isolados, 54,5% (n=121) apresentaram-se bactérias Gram-negativas, destacando-se espécies da Família *Enterobacteriaceae*, *Aeromonaceae* e *Pseudomonadaceae*; e 45,5% (n=101) Gram-positivas, destacando-se espécies do gênero *Staphylococcus*, *Enterococcus*, *Lactococcus*, *Streptococcus*, *Kocuria* spp. e *Gemella* spp. Foi observado que 65,3% (n=79) das bactérias Gram-negativas e 82,2% (n=83) Gram-positivas apresentaram resistência a pelo menos um antimicrobiano e o perfil de multirresistência foi observado em 7,4% (n=9) e 36,6% (n=37), respectivamente. Em ambos os grupos, observou-se maiores percentuais de resistência aos antibióticos da classe beta-lactâmicos: CFL (45,5%), AMC (27,3%), AMP (26,5%) e CFO (24%) para Gram-negativas; AMO e OXA (48,5%), AMP (42,6%), PEN (39,6%), CLI (33,7%), GEN (28,7%) e TET (27,7%) para Gram-positivas. Na análise molecular, cepas de *Staphylococcus* spp. (n=51) submetidas à técnica de PCR para detecção do gene *mecA* resistente à meticilina e detecção de enterotoxinas estafilocócicas A, C e D, apresentaram os resultados: 33,3% (n=17) positivas para o presença do gene *mecA*; 98,0% (n=50) para o gene *sea*; 9,8% (n=5) pra o gene *sec*; e 13,7% (n=7) para o gene *sed*. Considerando a diversidade microbiológica, perfil de resistência aos antimicrobianos associado aos fatores de virulência, é importante orientar os produtores quanto à adoção de práticas sustentáveis na truticultura, a fim de prevenir a disseminação de genes resistentes e suas consequências no ambiente e na saúde pública.

Instituição do Programa de IC, IT ou PG: UENF (CPGA)

Fomento da bolsa : FAPERJ



ANALYSIS OF THE INTESTINAL MICROBIOTA OF RAINBOW TROUT (*Oncorhynchus mykiss*, WALBAUM) AND ITS AQUATIC ENVIRONMENT IN THE SERRANA REGION OF THE STATE OF RIO DE JANEIRO

Nayara Borges Sampaio¹, Olney Vieira da Motta²

Truticulture is an aquaculture activity widely developed in the South and Southeast regions of Brazil, including the serrana region of the State of RJ, the target of this study. Antibiotic therapy is used in the prophylaxis and treatment of bacterial diseases. However, these drugs act on commensal and pathogenic bacteria in the intestinal microbiota of healthy and sick fish, which increases the presence of residues in the environment if used indiscriminately, favoring the selective pressure of bacteria resistant to antimicrobials and increasing horizontal transfer of resistance genes among several bacterial populations. The objective of this work was to carry out a survey of cultivable commensal and pathogenic microorganisms of the intestinal content of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) and their aquatic environment for research of bacteria resistant to antimicrobials and circulating pathogenic factors in the region. Fifty *O. mykiss* fish and 9 water samples were collected from active tanks. Of these, 222 bacterial isolates were obtained, and the susceptibility profile to antimicrobials was subsequently evaluated. Of the total of isolates, 54.5% (n = 121) showed Gram-negative bacteria, especially species from the *Enterobacteriaceae*, *Aeromonaceae* and *Pseudomonadaceae* family; and 45.5% (n = 101) Gram-positive, especially species of the genus *Staphylococcus*, *Enterococcus*, *Lactococcus*, *Streptococcus*, *Kocuria* spp. and *Gemella* spp. It was observed that 65.3% (n = 79) of Gram-negative bacteria and 82.2% (n = 83) Gram-positive bacteria showed resistance to at least one antimicrobial and the multidrug resistance profile was observed in 7.4% (n = 9) and 36.6% (n = 37), respectively. In both groups, higher percentages of resistance to antibiotics of the beta-lactam class were observed: CFL (45.5%), AMC (27.3%), AMP (26.5%) and CFO (24%) for Gram-negative; AMO and OXA (48.5%), AMP (42.6%), PEN (39.6%), CLI (33.7%), GEN (28.7%) and TET (27.7%) for Gram-positive. In the molecular analysis, strains of *Staphylococcus* spp. (n = 51) submitted to the PCR technique to detect the methicillin-resistant *mecA* gene and to detect staphylococcal enterotoxins A, C and D, presented the results: 33.3% (n = 17) positive for the presence of the *mecA* gene; 98.0% (n = 50) for the sea gene; 9.8% (n = 5) for the sec gene; and 13.7% (n = 7) for the sed gene. Considering the microbiological diversity, resistance profile to antimicrobials associated with virulence factors, it is important to guide producers regarding the adoption of sustainable practices in truticulture, in order to prevent the spread of resistant genes and their consequences on the environment and public health.