

Bactérias ambientais contribuem na resistência a antibióticos

31/08/2012- Uma nova pesquisa publicada no jornal Science sugere que as bactérias do solo e os agentes patogênicos humanos trocam rapidamente de genes resistentes a antibióticos, deixando pistas de que bactérias ambientais possam estar contribuindo para a crise crescente de resistência a antibióticos.

Siga o [CIÊNCIAemPAUTA](#) no Twitter. Curta nossa página [CIÊNCIAemPAUTA](#) no Facebook!

Os resultados podem mudar os pensamentos sobre a resistência a antibióticos e formas de combatê-la. O solo é um dos maiores e mais diversos habitats microbiais na Terra e é reconhecido cada vez mais como uma grande fonte de genes resistentes. Além de ter contato direto com antibióticos usados extensivamente em gado e agricultura, também é o habitat natural da bactéria *Streptomyces*, cujas espécies contabilizam a maioria em antibióticos naturalmente produzidos.

Produtores agropecuários usam os remédios para ajudar no crescimento dos animais, além de tratar doenças. Contudo, o excesso faz com que a substância acabe na carne consumida e, por isso, órgãos reguladores costumam impor limites ao uso desse tipo de medicamento. Os produtores de alimentos geralmente incluem na carne bactérias que produzem ácido lático para controlar o processo de fermentação e, assim, o produto final é ácido o suficiente para matar patógenos. Contudo, ao dar antibióticos aos animais, estas substâncias podem persistir na carne - mesmo em pequenas quantidades - e matar as bactérias produtoras de ácido lático e, assim, permitir que os micro-organismos perigosos aos humanos se reproduzam.

"Acho que os resultados vão ajudar no crescimento da criação de novos remédios, mas também regular o uso de antibióticos tanto na agricultura como em animais", afirmou Gautam Dantas, autor do estudo e professor da Escola de Medicina da Washington University. Segundo ele, os Estados Unidos não têm uma legislação que peça documentação para o uso de antibióticos. "Aproximadamente 70% dos antibióticos no País são usados em animais e apenas 30% em clínicas", disse. Com os resultados, a equipe espera que as pessoas sejam mais cuidadosas ao usar os remédios.

No estudo, Kevin Forsberg e sua equipe fizeram um sequenciamento metagenômico para encontrar sete

genes resistentes em bactérias de solo que dividem perfeitamente identidade com genes resistentes em doenças como Salmonella, Klebsiella pneumoniae e outras de causas patogênicas.

Eles também descobriram que genes de múltipla resistência foram agrupados lado a lado por elementos de DNA móvel, conhecidos por permitir a transferência de genes em bactérias. Mesmo que o estudo não tenha sido montado para determinar como organismos naturais do solo e agentes patogênicos humanos estão trocando de genes, os resultados sugerem que a contaminação do solo e da água com lixo contendo altos níveis de antibióticos, assim como o uso abusivo dos remédios em gados, estão contribuindo para que os genes resistentes apareçam nas bactérias ambientais.

Fonte: Terra