



Simpósio de Integração Acadêmica

Inteligência Artificial: A Nova Fronteira da Ciência Brasileira

SIA UFV Virtual 2020

UFV
Universidade Federal
de Viçosa

DETECÇÃO DE GENES DE RESISTÊNCIA A ANTIBIÓTICOS EM PLASMÍDEOS DE *Escherichia coli* E *Salmonella enterica* PROVENIENTES DE ANIMAIS DE PRODUÇÃO

Mariana Dias de Melo¹, Hilário Cuquetto Mantovani¹, Yasmin Neves Vieira Sabino¹

¹Departamento de Microbiologia, Universidade Federal de Viçosa – UFV

*E-mail: mariana.d.melo@ufv.br, hcm6@ufv.br, yasmin.sabino@ufv.br

Departamento de Microbiologia – Ciências Biológicas e da Saúde

Pesquisa

Palavras-chave: *one health*, genes de resistência, elementos genéticos móveis

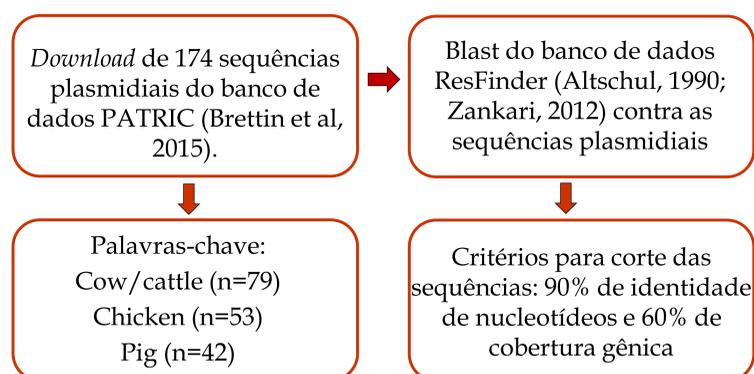
Introdução

O uso de antibióticos com finalidade profilática e/ou como promotores de crescimento em animais de produção tem sido criticado devido à seleção de bactérias resistentes a antibióticos e a possível transferência de genes de resistência ao longo da cadeia alimentar (Woolhouse, 2013). A transferência horizontal desses genes mediada por plasmídeos contribui para a disseminação de resistência entre humanos, animais e o ambiente, sendo, portanto, relevante no contexto da saúde única. A família *Enterobacteriaceae*, que constitui um importante grupo de patógenos oportunistas, é comumente relacionada com a disseminação de resistência entre bactérias (Caratoli, 2009). Nesta família, *Escherichia coli* e *Salmonella enterica* se destacam como patógenos que provocam desordens gastrointestinais e perdas econômicas no setor agropecuário (Trabulsi, 1999; Doyle, 1989; Carrasco, 2012).

Objetivos

O presente trabalho teve como objetivo detectar genes de resistência a antibióticos (GRAs) em plasmídeos de *Escherichia coli* e *Salmonella enterica* provenientes de aves, bovinos e suínos.

Material e Métodos



Resultados e Discussão

Os resultados indicaram predominância de genes de resistência a β -lactâmicos (n=42), sulfonamidas (n=39) e aminoglicosídeos (n=36) nos plasmídeos avaliados. *Salmonella enterica* foi a espécie que apresentou o maior número de GRAs enquanto o grupo das aves foi o mais associado com a presença de GRAs (Figura 1). Além disso, *Escherichia coli* e *Salmonella enterica* provenientes de todos os animais de produção avaliados apresentaram plasmídeos que conferem multirresistência aos patógenos, sendo que *Salmonella* apresentou o maior número de GRAs por plasmídeo analisado (média de 4 genes por plasmídeo). Em termos proporcionais, levando-se em consideração o número de plasmídeos avaliados por grupo, suínos apresentaram a maior proporção de genes por plasmídeo avaliado (Figura 2).

Classe de antibióticos	GRAs	Plasmídeos de <i>Escherichia coli</i>			Plasmídeos de <i>Salmonella enterica</i>			Total de GRAs	Total de GRAs por classe
		Aves (n=53)	Bovinos (n=79)	Suínos (n=42)	Aves (n=43)	Bovinos (n=25)	Suínos (n=11)		
Trimethoprim	dhfA1_10_AF203818	0	1	0	1	0	0	2	15
	dhfA5_1_X12808	0	1	0	0	0	0	1	
	dhfA12_8_AM040708	0	0	1	1	0	0	2	
	dhfA14_5_DQ388123	0	0	0	3	0	0	3	
Tetracycline	dhfA17_1_F166218	0	1	0	1	0	0	2	23
	tet(A)_6_AF534183	1	2	2	6	2	4	22	
	tet(B)_2_AF326777	0	0	0	1	0	0	1	
	tetC_5_EU780913	0	1	2	4	3	0	12	
Sulfonamídeo	sdh2_19_AJ19822	0	2	0	0	0	0	2	26
	sdh2_2_AY034138	1	0	1	1	2	2	7	
	sdh2_3_FQ849942	0	0	0	0	0	0	2	
	sdh3_2_AJ459418	0	0	0	0	2	0	2	
Efnampicilina	ARR_3_4_FM207631	0	0	0	2	0	0	2	2
	cosB_1_EU70913	0	0	0	2	0	0	2	
Quinolone	qnrS1_1_AB187515	0	1	0	0	0	0	1	8
	qnrA1_1_M64556	0	0	2	1	0	0	3	
Phenicol	phcB_2_AJ18107	0	0	0	6	0	0	6	18
	phcA1_1_D16251	0	0	0	1	0	0	1	
Macrolide	mphA1_2_U36878	0	2	0	1	0	0	3	5
	mphB_1_AJ18107	0	0	0	0	0	0	0	
Fosfomicina	fosA3_1_AB522970	0	0	0	4	0	0	4	4
	fosB_1_AJ18107	0	2	2	2	0	0	6	
Colitina	colE1_1_KP347127	0	2	3	2	0	0	7	7
	blaCTX-M-1_1_DQ915955	1	0	2	0	0	0	3	
Beta lactam	blaCTX-M-15_1_AY044350	0	1	0	0	0	0	1	39
	blaCTX-M-27_1_AY150923	0	0	0	0	0	0	0	
	blaCTX-M-65_1_EE418608	0	0	0	4	0	0	4	
	blaOXA-152_1_KP771980	0	0	0	1	0	0	1	
	blaTEM-1A_1_HM749066	0	0	0	1	0	0	1	
	blaTEM-1B_1_AY458016	0	0	0	1	1	2	4	
Aminoglicosídeo	aac(3)-IIa_1_X51534	0	2	0	1	0	0	3	36
	aac(3)-Ila_2_NC_009838	0	0	0	2	0	0	2	
	aadA2_1_NC_010870	0	0	0	0	0	2	2	
	aadA5_1_AF137361	0	0	1	0	0	0	1	
	aadC7a_1_X02340	0	1	0	0	0	0	1	
	aph(3)-Ia_1_V00359	0	0	1	0	0	0	1	
	aph(3)-Ia_7_X62115	0	0	1	0	0	0	1	
	aph(3)-Ia_9_EU722151	0	0	0	1	0	0	1	
	aph(4)-Ia_1_V01499	0	0	0	5	0	0	5	
	aph(6)-Id_1_M28829	0	1	2	1	0	0	4	
Total de GRAs por ecossistema		7	22	33	61	36	22	15	

Figura 1. Heatmap demonstrando a detecção de GRAs em plasmídeos de *Escherichia coli* e *Salmonella enterica* por grupo animal. A intensidade da cor representa a abundância dos GRAs; quanto mais intensa a cor da barra, maior a abundância do gene no respectivo ecossistema.

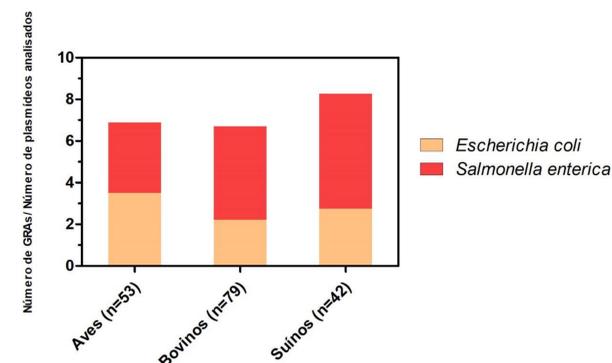


Figura 2. Razão entre o número de GRAs detectados em plasmídeos de *Escherichia coli* e *Salmonella enterica* e o número de plasmídeos analisados por ambiente. As diferentes cores representam os grupos de animais analisados neste trabalho.

Conclusões

Esses resultados confirmam a presença de plasmídeos contendo múltiplos genes de resistência em patógenos associados com desordens gastrointestinais em animais de produção. A presença desses genes em plasmídeos sugere que os mesmos podem ser transferidos horizontalmente entre bactérias comensais e patogênicas, representando um risco para a saúde animal e humana.

Bibliografia

- Woolhouse, M. E., & Ward, M. J. (2013). Sources of antimicrobial resistance. *Science*, 341(6153), 1460-1461
- Caratoli, A. (2009). Resistance plasmid families in Enterobacteriaceae. *Antimicrobial agents and chemotherapy*, 53(6), 2227-2238.
- Trabulsi, L. R., & de TOLEDO, M. R. F. (1991). Microbiologia. *Revista do Instituto de Medicina Tropical de São Paulo*, 33(4), 266-266
- Doyle, M. (Ed.). (1989). *Foodborne bacterial pathogens*. CRC Press.
- Carrasco, E., Morales-Rueda, A., & Garcia-Gimeno, R. M. (2012). Cross-contamination and recontamination by Salmonella in foods: a review. *Food Research International*, 45(2), 545-556.
- Brettin, T., Davis, J. J., Disz, T., Edwards, R. A., Gerdes, S., Olsen, G. J., ... & Shukla, M. (2015). RASTik: a modular and extensible implementation of the RAST algorithm for building custom annotation pipelines and annotating batches of genomes. *Scientific reports*, 5, 8365.
- Altschul, S. F., Gish, W., Miller, W., Myers, E. W., & Lipman, D. J. (1990). Basic local alignment search tool. *Journal of molecular biology*, 215(3), 403-410.
- Zankari, E., Hasman, H., Cosentino, S., Vestergaard, M., Rasmussen, S., Lund, O., ... & Larsen, M. V. (2012). Identification of acquired antimicrobial resistance genes. *Journal of antimicrobial chemotherapy*, 67(11), 2640-2644.

Apoio Financeiro



Agradecimentos

