

8º CDMICRO | Evento Presencial



CONGRESSO SOBRE DIVERSIDADE MICROBIANA DA AMAZÔNIA

DIVERSIDADE MICROBIANA:
DESAFIOS E OPORTUNIDADES

ANAIS 2023

24 a 27 de abril de 2023 | UFAM - MANAUS - AM

Organização



UEA
UNIVERSIDADE
DO ESTADO DO
AMAZONAS



Ministério da Saúde
FIOCRUZ
Fundação Oswaldo Cruz
Instituto Leônidas e Maria Orlan



Apoio



Secretaria de
Desenvolvimento
Econômico, Ciência,
Tecnologia e Inovação



Potencial antimicrobiano de *Streptomyces* MAD 24 frente a agentes causais de otite externa canina

Luis Felype Garcia de Sousa Caldas¹; Cláudia Afras de Queiroz²; Gilvan Ferreira da Silva³

¹Bolsista. Universidade Federal do Amazonas - PPG Biotecnologia. Av. General Rodrigo Octavio Jordão Ramos, 1200 - Coroado I, Manaus - AM, 69067-005; ²Bolsista. Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia - PPG Agricultura dos Trópicos Úmidos. Av. André Araújo, 2936; ³Pesquisador. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. Rodovia AM 010 Km 29 Estrada Manau, Itacoatiara - AM, 69010-97

Resumo

Na clínica veterinária, um dos grandes problemas é a otite bacteriana externa em cães visto que 8 a 15% dos casos atendidos estão relacionados a esta doença. O *Staphylococcus* spp. é o principal agente causal, seguido por *Streptococcus* spp., *Proteus* spp., *Pseudomonas* spp., *E. coli* spp. e outras bactérias (*Acinetobacter* spp, e *Bacillus* spp.). Por esse motivo, buscou-se avaliar o isolado de *Streptomyces* Mad 24 quanto ao potencial para produção de antibióticos contra bactérias isoladas de sintomas de otite canina. O teste de antibiose foi realizado por meio da técnica de Cross-Streak modificada, frente às bactérias: *Stenotromonas maltophilia*, *Actinobacter seifertii* e *Actinobacter nosocmialis* isoladas em meio BHI (Brain Heart Infusion) a partir de tecido sintomático de cães com otite externa. A taxa de inibição observada foi de 76,66%, 52,49% e 19,14%, contra *S. maltophilia*, *A. seifertii* e *A. nosocmialis* respectivamente. A inibição acima de 50% observada em *S. maltophilia* e *A. seifertii* que são patógenos também identificados na clínica humana, associadas a doenças oportunistas em pessoas hospitalizadas, na clínica hospitalar emergente, podendo estar associada a linhagens multirresistentes. reforçam a importância da busca de moléculas ação antibiótica que possam controlar esses patógenos. Assim, o presente trabalho é o primeiro passo na busca de agentes antimicrobianos com potencial uso veterinário e humano.

Palavras chave: Actinobactéria; Metabólitos secundários; Otite Externa em Cães.

Prospecção de moléculas antibióticas com base na análise genômica de *Streptomyces murinus* MAD 24

Luis Felype Garcia de Sousa Caldas¹; Claudia Afras de Queiroz²; Gilvan Ferreira da Silva³

¹Bolsista. Universidade Federal do Amazonas - PPG Biotecnologia. Av. General Rodrigo Octavio Jordão Ramos, 1200 - Coroado I, Manaus - AM, 69067-005;²Bolsista. Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia - PPG Agricultura dos Trópicos Úmidos. Av. André Araújo, 2936;³Pesquisador. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. Rodovia AM 010 Km 29 Estrada Manau, Itacoatiara - AM, 69010-97

Resumo

A espécie tipo de *Streptomyces murinus* foi isolada de solo no Japão na década de 60 e desde então tem sido estudada do ponto de vista químico e genético. Atualmente, novas abordagens como a mineração genômica combinada com plataformas como o ARTS (*Antibiotic Resistant Target Seeker*) está sendo utilizadas na busca por novas moléculas com ação antibiótica, visando o combate de linhagens multirresistentes. Por esse motivo, neste estudo buscou-se avaliar o potencial biotecnológico para produção de antimicrobianos com base na identificação de BGCs (*Biosynthetic Gene Clusters*) de *S. murinus* linhagem Mad 24 isolada de sedimentos do rio Madeira. Foram identificados pelo menos 15 clusters associados à produção de antimicrobianos, com similaridade entre 2% e 92% com vias de biossíntese já caracterizadas e cujas moléculas podem ser preditas com base na composição de genes do BGC. A busca por genes de resistência que são utilizados como forma de escape contra antibióticos produzidos pela própria linhagem, identificou 31 genes de resistência dentro ou próximo de clusters gênicos biossintéticos. Foram identificados também 51 genes duplicados e 228 genes obtidos por transferência horizontal entre espécies.

Palavras-Chave: Actinobactéria; Metabólitos secundários; Mineração de genomas