

Identificação de genes de resistência e elementos móveis no microbioma ruminal e fecal de touros Nelore

Letícia Maria de Aquino¹; Liliane Costa Conteville²; Bruno Gabriel Nascimento Andrade³; Adhemar Zerlotini Neto⁴; Gerson Barreto Mourão⁵; Luiz Lehmann Coutinho⁵; Luciana Correia de Almeida Regitano⁶

¹Aluna de graduação em Biotecnologia, Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, SP. Bolsista PIBIC/CNPq, Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP; leticia.aquino@estudante.ufscar.br.

²Aluna de pós-doutorado em Biotecnologia Animal, Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP.

³Professor do Departamento de Ciência da Computação, Munster Technological University, Cork, Irlanda.

⁴Pesquisador da Embrapa Informática Agropecuária, Campinas, SP.

⁵Professor do Centro de Genômica Funcional, Universidade de São Paulo, Piracicaba, SP.

⁶Pesquisadora da Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP.

A incidência de genes de resistência a antibióticos em agentes patogênicos traz uma preocupação global em relação a multirresistência a fármacos importantes na medicina humana e veterinária. No entanto, poucos estudos utilizam ferramentas de metagenômica na busca por genes de resistência, especialmente no microbioma de animais criados para o consumo, como os ruminantes. Além disso, elementos móveis como plasmídeos e bacteriófagos podem propagar esses genes devido à sua capacidade de transferir seu material genético para células bacterianas. O presente estudo teve como objetivo analisar 916 genomas microbianos provenientes do rúmen e fezes de 52 touros Nelore (*Bos indicus*), a fim de identificar genes de resistência e elementos móveis. Utilizamos o programa ABRicate para identificar genes de resistência e plasmídeos com as bases de dados MEGARes e PlasmidFinder. Baseado nas sequências consenso, usamos o CheckV para identificação de vírus. Apenas sequências classificadas como “Complete” (comprimento ≥ 5 kb), com genes virais identificados e contaminação $< 1\%$ foram utilizadas na classificação dos elementos móveis. Observamos que 36 genomas bacterianos abrigam genes associados a resistência antimicrobiana, sendo 30 provenientes de fezes e seis de rúmen. Esses genes estão associados a resistência a antibióticos utilizados no combate a agentes patogênicos, como beta-lactâmicos, penicilinas e tetraciclinas. Classificamos as sequências consenso como potenciais genomas virais usando o CheckV, sendo 977 proveniente das fezes, e 441 do rúmen. Usando o GeNomad, 967 vírus foram identificados a partir de sequências consenso de fezes e 425 de rúmen, sendo a maioria classificados como bacteriófagos. Três sequências fecais e 6 ruminais foram classificadas como plasmídeos pelo GeNomad; enquanto 99 sequências fecais e 61 ruminais apresentaram genes de plasmídeo pelo PlasmidFinder. Futuras análises podem revelar informações mais assertivas, seja para descrever o impacto do resistoma e viruloma, ou analisar a atividade dos elementos móveis.

Apoio financeiro: Financiado pelo Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico, CNPq (número de concessão: 456191/2014-3) e pela Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo, FAPESP (número de concessão: 2019/04089-2).

Área: Ciências Agrárias.

Palavras-chave: Genes de resistência a antibióticos, resistoma, viruloma, elementos móveis, metagenômica

Número Cadastro SisGen: Não cadastrado - aguardando disponibilização do SisGen 2.

Comitê de Ética: Experimentação Animal - Embrapa Pecuária Sudeste (Protocolo nº 09/2016).

Número do Processo PIBIC/PIBITI: 128568/2022-4