

Medicina Veterinária

Plasmídeos de resistência em isolados de Escherichia coli provenientes de diferentes hospedeiros no Brasil

Roberta Pinheiro dos Santos - ° período de Medicina Veterinária, UFLA

Jéssica Luana Felix Moreira - Pós-graduanda do Departamento de Medicina Veterinária, UFLA -
Coorientadora.

Dircéia Aparecida Da Costa Custódio - Pós - doutoranda do Departamento de Medicina Veterinária, UFLA

Maysa Serpa Gonçalves - Professora substituta do Departamento de Medicina Veterinária, UFLA

Elaine Maria Seles Dorneles - Professora do Departamento de Medicina Veterinária, UFLA

Carine Rodrigues Pereira - Professora do Departamento de Medicina Veterinária, UFLA.
Contato: carinepereira@ufla.br - Orientadora - Orientador(a)

Resumo

O combate a resistência antimicrobiana é um dos princípios da OMS, ONU e WOA. Os plasmídeos são responsáveis por grande parte desse fenômeno. Com isso, o objetivo deste trabalho foi mapear a presença de plasmídeos de cepas de Escherichia coli, por meio da bioinformática. Oriundas de amostras de fezes (bovinos), urina (humanos/cães), leite (bovino) e secreções uterinas (cães), totalizando 50 isolados, de um banco de bactérias do Laboratório de Sanidade Animal e Saúde Coletiva (LISASC). O DNA das amostras foi extraído e o genoma foi sequenciado utilizando a plataforma Illumina HiSeq 2500. A qualidade das sequências feita no FASTQC. A reconstrução genômica pelos SPAdes, Unicycler e Edena. A validação pelo QUAST e CheckM. A estruturação pelo Medusa e as montagens incluídas no NCBI. Os plasmídeos foram identificados com o PlasmidFinder. Ao todo, foram encontrados 27 plasmídeos diferentes. Dentre eles, seis eram do tipo col, conhecidos por carregar genes para expressão de colicinas, que são proteínas tóxicas antagonistas a outras bactérias próximas. Ao total, quatro deles estavam presentes em todas as espécies (Col(MG828)_1, Col156_1, Col440I_1, ColRNAI_1); um estava presente apenas em humanos (Col(BS512)_1) e um apenas em bovinos (ColE10_1). Um plasmídeo do tipo AAC3, que confere resistência antimicrobiana na classe dos aminoglicosídeos por meio de uma ação enzimática, também foi identificado em cães e humanos (IncFIB(blaCTX-M-15)). Também foram encontrados dois plasmídeos utilizados em biotecnologia (pO111_1, pSM22_1), ambos em bovinos. Os outros 18 plasmídeos pertenciam ao tipo inc, que são caracterizados por apresentar uma incompatibilidade com plasmídeos do mesmo grupo, pois compartilham de um ou mais elementos de replicação. Os plasmídeos inc também são conhecidos pelo potencial de transferir genes entre si, que podem ser de resistência antimicrobiana. Dentre eles, oito estavam presentes apenas em bovinos (IncB/O/K/Z_2, IncFIA(HI1)_1_HI1, IncFIB(K)_1_Kpn3, IncFII(pHN7A8)_1_pHN7A8, IncFII_1, IncHI1A_1, IncHI1B(R27)_1_R27, IncX1_1), dois apenas em cães (IncFII(pRSB107)_1_pRSB107, IncX1_4), e um apenas em humanos (IncX4_1); dois estavam presentes em bovinos e humanos (IncI1_1_Alpha, IncFIB(pB171)_1_pB171), dois em bovinos e cães (IncY_1, IncFIC(FII)_1) e um em cães e humanos (IncFII(29)_1_pUTI89). Por fim, conclui-se que existe o compartilhamento de genes plasmidiais nas diferentes espécies animais e seres humanos representando um risco para a saúde única.

Palavras-Chave: saúde única, microbiologia, produção animal; genética; bioinformática.

Link do pitch: <https://youtu.be/b1LMzE9ozY0>