



DOI: <http://dx.doi.org/10.21270/archi.v7i0.3910>

DADOS METAGENÔMICOS DA DISTRIBUIÇÃO DE GENES DE RESISTÊNCIA A ANTIMICROBIANOS EM ÁGUAS DO ATLÂNTICO SUL

SCHWEITZER, C. M. (FEIS - Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira); SOUZA, B. B. C. (UNESP Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho"); BRAGA, S. J. (UNESP – Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho"); SILVA, K. M. R. (FEIS - Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira); GAETTI-JARDIM JÚNIOR, E. (UNESP - Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho")

Tema: Patologia e Propedêutica Clínica

A utilização de drogas antimicrobianas é importante marco do século XX, reduzindo a mortalidade de muitas enfermidades. A disseminação de resistência a esses fármacos está entre os principais problemas de saúde atuais e os sistemas aquáticos são os principais elementos de veiculação desses agentes. Este estudo teve como objetivo avaliar a presença de marcadores de resistência a antimicrobianos (ARGs) a partir de análise de predição gênica em amostras liberadas pelo projeto global "Tara Oceans". Para tanto, os dados referentes aos resultados de sequenciamento shotgun, utilizando o sistema Illumina®, de amostras de água de diversas profundidades, obtidas por filtração em membranas com porosidade de 0,2 µm, em estações de nas bordas da plataforma continental das regiões Sul e Sudeste do Brasil, foram analisados e comparados com as bases de dados gênicos SILVA Database e NCBI Database, sendo que a abundância das OTUs (unidades taxonômicas operacionais) de interesse foi comparada por meio do programa R Statistical. Adicionalmente, as sequências observadas (reads e contigs) foram submetidos a programa computacional de predição gênica, para verificar a distribuição de possíveis marcadores de resistência a antimicrobianos. A partir de mais de 530 marcadores de resistência microbiana e suas variações, as sequências de DNA sequenciado e catalogados em função da profundidade, permitiram a detecção de mais de 150 sequências de ARG, com predomínio de marcadores associados a drogas que interferem na funcionalidade ribossômica, como o cloranfenicol, macrolídeos e tetraciclinas. Observou-se por meio de comparação da distribuição de diferentes microrganismos e desses ARGs que a maioria desses marcadores têm distribuição associada a gêneros microbianos específicos, como *Alteromonas*, *Flavobacterium* e *Pseudoalteromonas*. Esses resultados permitem a conclusão que a distribuição de ARGs é ampla e não apenas limitada a áreas imediatamente impactadas pela atividade humana.

Descritores: Resistência Microbiana a Medicamentos; Água do Mar; Metagenômica; Padrões Moleculares associados a Patógenos.