ANÁLISE DE GENES DE RESISTÊNCIA A ANTIBIÓTICOS EM SOLO SOB CULTIVO CONVENCIONAL

Anderson Souza De Oliveira (anderson.souza095@gmail.com)

Rodrigo Matheus Pereira (rodrigopereira@ufgd.edu.br)

A resistência a antibióticos trata-se de algo antigo e intrínseco a bactérias, que teve origem em algum momento da evolução de milhões de anos desses micro-organismos. Boa parte dos antibióticos é proveniente de bactérias presentes no solo, logo, é possível afirmar que o solo é um grande reservatório para genes que confiram resistência a antibióticos. O presente estudo teve como objetivo verificar a presença de genes que confiram resistência a antibióticos (ARGs), em solo sob a técnica de plantio convencional de grãos, utilizando a abordagem metagenômica e sequenciamento de nova geração. A amostragem do solo avaliado foi realizada na Embrapa Agropecuária Oeste, que fica localizada no município de Dourados – MS, a amostragem foi feita com uma profundidade de 0 a 10 cm, foi coletado 10 amostras simples para obtenção de uma amostra composta. A amostra foi então armazenada em um saco plástico estéril, mantida sob refrigeração adequada e transportada para UNESP Jaboticabal para que fosse sequenciada. Posteriormente, foi feita a verificação da qualidade do sequenciamento utilizando o programa FastQC, a filtragem das sequências de baixa qualidade utilizando o programa Printseq-lite, e a identificação de regiões codantes utilizando o programa FragGeneScan. Utilizando o banco de dados secundário, Antibiotic Resistance Gene Database (ARDB), foi possível obter as sequências que estão relacionadas a resistência a antibióticos em bactérias. Posteriormente utilizando um script de anotação disponibilizado pelo próprio banco de dados, foi realizada uma análise de similaridade das sequências do solo contra as sequências do ARDB, utilizando o Blastx pelo script Blastall. Das 71762 sequências obtidas do sequenciamento do solo, apenas 12 retornaram como sequências que estão relacionadas ARGs, dessas, 7 pertencem ao filo Proteobacteria, 2 Bacteroidetes, 2 Firmicutes e 1 Desconhecida. Todas elas correspondendo a resistência ao antibiótico bacitracina, cujo meio de ação baseia-se em inibir um lipídio, undecaprenil pirofosfato, essencial para síntese da parede celular bacteriana. Todos os genes relacionados a

resistência trata-se do gene bacA. O baixo número de ARGs retornado provavelmente ocorreu, por conta de que o solo avaliado não receber nenhum tipo de composto que ocasionou uma pressão de seleção e modificou a microbiota local. Os micro-organismos encontrados são potencialmente produtores naturais do antibiótico bacitracina. O estudo de micro-organismos dos solos que contenham ARGs é de grande importância para auxiliar na compreensão da diversidade de resistência presente em cada ambiente.