

# XX CONGRESSO NACIONAL ABRAVES

Produzindo suínos para um futuro sustentável

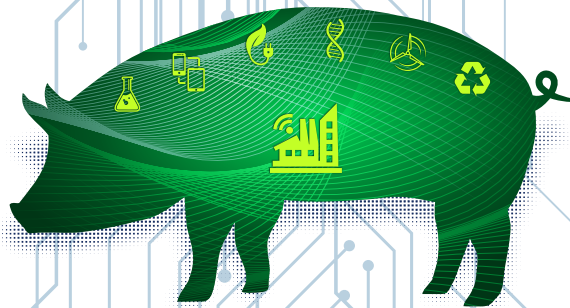
**16 a 19 outubro de 2023**

Centro de Eventos da PUCRS Porto Alegre / RS



# **ANAIS** **XX CONGRESSO** **NACIONAL ABRAVES**





# XX CONGRESSO NACIONAL ABRAVES

Produzindo suínos para um futuro sustentável

Patrocínio Diamante

agroceres 

 **Boehringer  
Ingelheim**



  
**DANBRED**  
Brasil

dsm-firmenich 

  
**HIPRA**

 **MSD**  
Saúde Animal

  
**Phibro**  
ETHANOL PERFORMANCE GROUP™

Realização

 **ABRAVES**  
Regional Rio Grande do Sul

Apoio Científico

  
**UFRGS**  
UNIVERSIDADE FEDERAL  
DO RIO GRANDE DO SUL

 **UPF**  
UNIVERSIDADE  
DE PASSO FUNDO

Secretaria Executiva

  
**LUIZ BASSO  
PRODUÇÕES  
EVENTOS**



# COMISSÕES | Abraves 2023

## COMISSÃO ORGANIZADORA

### Presidente

Ana Paula Gonçalves Mellagi

### Membros

André Hagemann  
Alexandre Marchetti  
Bruno Marimon  
Eraldo Zanella  
Fernando Bortolozzo  
Gabriela Zanin  
Karine Takeuti  
Kelly Will  
Rafael Ulguim

David Driemeier  
Diógenes Dezen  
Gabriela Zanin  
Ivan Bianchi  
Ivan Bustamante  
Karine Takeuti  
Kelly Will  
Laura Almeida  
Mariana Marques  
Thomaz Lucia Jr  
Vinícius Cantarelli  
Vladimir Oliveira

## COMISSÃO CIENTÍFICA

Alícia Fraga  
Ana Paula Mellagi  
David Barcellos  
Diogo Magnabosco  
Eraldo Zanella  
Fernando Bortolozzo  
Franciele Siqueira  
Gabriela Zanin  
Ines Andretta  
Marisa Cardoso  
Rafael Frandoloso  
Rafael Ulguim

Diogo Magnabosco  
Eduardo Wollmann  
Fernando Retamal  
Gabriel Vearick  
Henrique Brandt  
Juliana Calveyra  
Marina Walter  
Pedro Lisboa  
Ricardo Nagae  
Tiago Paranhos

## COMISSÃO AVALIADORA

Alícia Fraga  
André F. C. de Andrade  
Andrea Ribeiro  
Cesar Garbossa  
Claudio Canal  
Daniela Gava

## COMISSÃO DE TRABALHO

### DADOS INTERNACIONAIS PARA CATALOGAÇÃO NA PUBLICAÇÃO (CIP)

C749a Congresso Nacional ABRAVES (20. : 2023 : Porto Alegre, RS)

Anais do XX Congresso Nacional ABRAVES, 16 a 19 de outubro de 2023, Porto Alegre [recurso eletrônico]: produzindo suínos para um futuro sustentável / organizado por Ana Paula Gonçalves Mellagi ... [et al.] - Porto Alegre: PUCRS. Centro de Eventos, 2023.

E-book  
1 arquivo : il., 419 p.

Publicado como suplemento na Revista Acadêmica Ciência Animal, v. 21, jan-dez/2023.

1. Medicina Veterinária – Eventos. – 2. Suínos. I. Mellagi, Ana Paula Gonçalves (org.). II. Associação Brasileira de Veterinários Especialistas em Suínos. III. Título

CDU: 636.4

CATALOGAÇÃO NA FONTE: MARINA MAROSTICA FINATTO, CRB-10/2777 - BIBLIOTECÁRIA DA FACULDADE VETERINÁRIA/UFRGS

# Perfil de genes de resistência a antimicrobianos em sistema de tratamento de dejetos suínos por lagoas em série

Mariana Costa Torres<sup>1\*</sup>  
Gabriela Merker Breyer<sup>1</sup>  
Manuel Escalona<sup>2</sup>  
Marisa Ribeiro de Itapema Cardoso<sup>3</sup>  
Franciele Maboni Siqueira<sup>1</sup>

## *Profile of antimicrobial resistance genes in a swine manure treatment system*

<sup>1</sup> Departamento de Patologia Clínica Veterinária, Faculdade de Medicina Veterinária, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, Brasil

<sup>2</sup> Instituto de Informática, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, Brasil

<sup>3</sup> Departamento de Medicina Veterinária Preventiva, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, Brasil

\*Correspondência: mariana.exs@gmail.com

Palavras-chave: Metagenômica. One health. Resistoma.

### Introdução

A habilidade bacteriana para a transferência de genes de resistência a antimicrobianos (ARGs), aliada à utilização inadequada de antibióticos e à escassez de novas moléculas antibacterianas, aprofundou a preocupação em torno do tema da resistência a antimicrobianos (RAM) no contexto Saúde Única (do inglês, *One Health*) (Mackenzie e Jeggo, 2019). Com o desenvolvimento da metagenômica foi possível ampliar o entendimento microbiológico e da dinâmica envolvendo ARGs (Liu et al., 2021; Ma et al., 2021). Neste contexto, efluentes oriundos do tratamento de dejetos suínos se destacam como possíveis propagadores

da RAM (Shui et al., 2022), porém uma definição mais acurada da dinâmica dos ARGs ainda se faz necessária. Desta forma, objetivou-se a descrição exploratória do perfil de ARGs presente em um sistema de tratamento de dejetos suínos baseado em lagoas em série.

### Material e métodos

Amostras líquidas (50 ml) foram coletadas de quatro lagoas de tratamento de dejetos pertencentes a uma granja do tipo independente com ciclo completo. O processamento das amostras ocorreu de acordo com o protocolo de Tu et al. (2023) modificado. A partir da extração de DNA total foi possível realizar a construção de bibliotecas e sequenciamento na plataforma Illumina HiSeq 2500. Baseado em Chen et al. (2021), realizou-se a montagem das reads brutas utilizando metaSPAdes (v3.15.4), mapeamento e indexação com BWA (v0.7.12) e Samtools (v1.9), respectivamente, sendo as bins recuperadas usando o MetaBAT (v2.12) e selecionadas via CheckM (v1.0.11).

Na sequência, as fases de leitura aberta (ORFs) foram criadas usando MetaProdigal (v2.6.3) e filtradas com CD-HIT (v4.6.8). A anotação para ARGs foi realizada a partir do banco de dados *Comprehensive Antibiotic Resistance Database* (CARD) (v3.2.6) através do DIAMOND (v09.17.118). As sequências de plasmídeos vinculadas aos ARGs foram previstas utilizando o PlasFlow (v1.1) (Krawczyk et al., 2018).

## Resultados e discussão

No estudo foram identificados genes de resistência à tetraciclina (*tet(36)*, *tet(C)*, *tet(G)*, *tet(L)* e *tet(X6)*), lincosamidas (*linG*, *lnuA*, *lnuF* e *lnuH*) e macrolídeos (*mef(B)*, *mefC* e *mphG*), além de genes que induzem multirresistência (*ermG*, *mel*, *mexF*, *mexK*, *mexW*, *optrA*, *blaPRC-1*, *rsmA*, *smeE* e *yajC*). O aparecimento das classes citadas pode estar relacionado, entre outros fatores, com o uso de antibióticos durante o processo produtivo (Hembach et al., 2022). Destaca-se a identificação de resistência aos macrolídeos, considerados de mais alta prioridade para a saúde humana (WHO, 2018).

Considerando o tratamento de dejetos, de forma geral ocorreu a diminuição de ARGs no final do processo, o que representa uma perspectiva animadora. Entretanto, genes específicos (*mel*, *mefC*, *lnuH*, *lnuF*, *mphG*, *smeE*, *tet(X6)* e *linG*) apresentaram aumento na quarta lagoa, o que demonstra que o cenário pode apresentar variação. Essa dinâmica pode estar relacionada à possibilidade de bactérias compartilharem genes na presença de moléculas de antibióticos ou metais pesados no ambiente, o que resultaria em um aumento na sua abundância (Engin et al., 2023). Além disso, foi possível identificar a localização de *tet(G)*, *tet(C)*, *optrA*, *lnuH* e *lnuA* em elementos genéticos móveis, especificamente em plasmídeos, indicando que esses genes poderiam ser compartilhados e transferidos entre bactérias (Zhou et al., 2021).

## Conclusão

Constatou-se a manutenção de ARGs mesmo após o tratamento de dejetos suínos, além da presença de plasmídeos, indicando o risco de disseminação para o ambiente, animais e humanos. Entretanto é importante salientar que se trata de um estudo exploratório limitado à avaliação de apenas um sistema de tratamento. O estabelecimento das metodologias de processamento e análise realizados no presente estudo servirão de base para a futura caracterização da dinâmica da RAM em sistemas de tratamento.

## Referências

CHEN, H. et al. Environmental risk characterization and ecological process determination of bacterial antibiotic resistome in lake sediments. *Environment International*, v. 147, p. 1-11, 2021.

ENGIN, A.B. et al. Effects of co-selection of antibiotic-resistance and metal-resistance genes on antibiotic-resistance potency of environmental bacteria and related

ecological risk factors. *Environmental Toxicology and Pharmacology*, v. 98, p. 1-10, 2023.

HEMBACH, N. et al. Facultative pathogenic bacteria and antibiotic resistance genes in swine livestock manure and clinical wastewater: A molecular biology comparison. *Environmental Pollution*, v. 313, p. 1-8, 2022.

KRAWCZYK, P.S. et al. PlasFlow: predicting plasmid sequences in metagenomic data using genome signatures. *Nucleic Acids Research*, v. 46, p. 1-14, 2018.

LIU, YX. et al. A practical guide to amplicon and metagenomic analysis of microbiome data. *Protein Cell*, v. 12, n. 5, p. 315-330, 2021.

MA, T. et al. A review of the resistome within the digestive tract of livestock. *Journal of Animal Science and Biotechnology*, v. 12, n. 1, p. 1-20, 2021.

MACKENZIE, J.S.; JEGGO, M. The One Health Approach—Why Is It So Important? *Tropical Medicine and Infectious Disease*, v. 4, n. 2, p. 88-98, 2019.

MURRAY, A.K. et al. Comparing the selective and co-selective effects of different antimicrobials in bacterial communities. *International Journal of Antimicrobial Agents*, v. 53, n. 6, p. 767-773, 2019.

SHUI, J. et al. Insights into the fates of plasmids and antimicrobial resistance genes during swine manure treatment and related factors based on plasmidome and metagenome analyses. *Environmental Science and Pollution Research*, v. 29, n. 45, p. 69037-69047, 2022.

TU, Z. et al. Exploring the abundance and influencing factors of antimicrobial resistance genes in manure plasmidome from swine farms. v. 124, p. 462-471, 2023.

ZHANG, R.M. et al. Distribution patterns of antibiotic resistance genes and their bacterial hosts in pig farm wastewater treatment systems and soil fertilized with pig manure. *Science of the Total Environment*, v. 758, p. 1-7, 2021.

ZHOU, ZC. et al. Spread of antibiotic resistance genes and microbiota in airborne particulate matter, dust, and human airways in the urban hospital. *Environment International*, v. 153, p. 1-10, 2021.

WHO. Critically important antimicrobials for human medicine. 6 ed. Geneva: World Health Organization; 2018. p. 52.