

## RESUMO - CIÊNCIAS AGRÁRIAS - AGRONOMIA

### **RESISTÊNCIA A ANTIMICROBIANOS, ELEMENTOS GENÉTICOS MÓVEIS E SISTEMA CRISPR-IE EM ESCHERICHIA COLI ISOLADA DE RESÍDUOS ANIMAIS**

*Davi Chinarelli Campos (chinarellidavi@gmail.com)*

*Lislane Gonçalves De Almeida (lislanegoncalvesalmeida@gmail.com)*

*Natália Pereira De Oliveira Machado (machadonatalia214@gmail.com)*

*Paula Fernanda Alves Ferreira (paula.faf@hotmail.com)*

*Miliane Moreira Soares De Souza (miliane@ufrj.br)*

*Shana De Mattos De Oliveira Coelho (shana@ufrj.br)*

*Irene Da Silva Coelho (Irenecoelho@ufrj.br)*

Resíduos da produção animal representam uma via crítica para a circulação de determinantes de resistência a antimicrobianos (RAM). Esses resíduos frequentemente abrigam elementos genéticos móveis (EGMs), que aceleram a disseminação de resistência entre bactérias ambientais, com potenciais impactos na saúde animal, humana e ambiental. No entanto, bactérias possuem seus próprios sistemas de defesa, como o sistema CRISPR (do inglês: Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats), que confere uma imunidade adaptativa contra elementos genéticos exógenos. Este estudo investigou a relação entre RAM, EGMs e sistema CRISPR em *Escherichia coli* de resíduos animais. Foram avaliadas 37 cepas bacterianas de *E. coli* isoladas durante o processo de compostagem da cama de aviário

convencional e orgânica e cama de cavalo previamente identificadas pelo método de espectrometria de massa MALDI-TOF (Cadastro Sisgen: A19B0CE). A análise *in vitro* da resistência a antimicrobianos foi avaliada pelo método de disco-difusão em meio sólido. A extração do DNA das bactérias foi realizada pelo método de sonicação na Fundação Oswaldo Cruz. A detecção dos EGM (integrons da classe 1 e 2) e sistema CRISPR-IE (arranjos CRISPR1 e CRISPR2) foi realizada através da técnica de PCR. Os produtos de PCR foram purificados e sequenciados pelo método de Sanger. A maioria (28/37) dos isolados de *E. coli* apresentou sensibilidade a todos os antimicrobianos. Isolados da cama de aviário convencional e cavalo apresentaram perfis de multirresistência e a presença de ao menos um integron, como os isolados CAC10 e CC28. Em ambos isolados não foram detectados CRISPR-IE. De forma geral, observou-se alta frequência de arranjos do sistema CRISPR do tipo I-E, com 85% dos isolados portando o arranjo CRISPR1 e 68% com arranjo CRISPR2. Os isolados portadores de CRISPR-IE apresentaram, em sua maioria (26/37), perfil de sensibilidade aos antimicrobianos e ausência de integrons. Uma pequena proporção (<10%; 2/37) apresentou integrons de classe 1 e 2 simultaneamente, ambos isolados foram associados a fenótipos multirresistentes e não possuíam sistema CRISPR. Quanto à origem dos espaçadores nos sistemas CRISPR, houve uma predominância de sequências derivadas de plasmídeos na maioria dos isolados avaliados. Isolados como CAC98, CAC99, CC105, CC109, CAO110, CC111, CAC113, CAO116, CAC101 e CAO118 apresentaram 100% dos espaçadores de CRISPR1 com origem plasmidial, evidenciando uma forte exposição dessas cepas a esses elementos genéticos exógenos. Nos espaçadores de CRISPR2 em *E. coli* também houve o predomínio de sequências de origem plasmidial, especialmente em isolados como CAC98, CAC99, CC105, CC109, CAO110, CC111, CAC113, CAO116, CAC101 e CAO118, onde 100% dos espaçadores foram atribuídos a essa origem. A predominância de plasmídeos nos espaçadores reforça a importância do sistema CRISPR como um mecanismo de defesa bacteriana contra elementos genéticos móveis. A predominância desse sistema em bactérias sensíveis a antimicrobianos, sem elementos genéticos móveis, sugere o seu papel crucial na restrição da aquisição de genes exógenos. Nesse sentido, cepas com CRISPR ativos apresentam menor probabilidade de adquirir genes de resistência, destacando o potencial desse mecanismo como barreira natural à disseminação da resistência antimicrobiana.

Palavras-chave: antibióticos; crispr/cas; genética microbiana; ram.

