



IDENTIFICAÇÃO DE GENES DE RESISTÊNCIA EM PROFAGOS DE BACTÉRIAS DO GÊNERO *BRADYRHIZOBIUM*

MATHEUS CESAR RODRIGUES GARCIA; HUGO MARTINS CORREIA; RICHARD COSTA
POLVEIRO; FLÁVIO TETSUO SASSAKI

Introdução: A presença de microrganismos do solo dotados de resistência a variadas classes de antimicrobianos devido ao uso indiscriminado de antibióticos usados em animais e agrodefensivos se mostra como um agravador do problema do aumento da resistência bacteriana em bactérias que infectam humanos, uma vez que os genes de resistência podem ser adquiridos/transmitidos por transferência horizontal de genes entre bactérias, transferência por intermédio de prófagos ou através de mutações aleatórias e outros mecanismos. Especificamente, o estudo se prontificou a estudar o genoma de 128 possíveis prófagos identificados in-silico no genoma de bactérias colonizadoras de solos e raízes do gênero *Bradyrhizobium*, pois bacteriófagos são as entidades biológicas mais abundantes existentes e são efetivos em infectar, multiplicar e agir como transmissores horizontais de genes. **Objetivos:** Identificar genes de resistência em possíveis prófagos de bactérias do gênero *Bradyrhizobium* através de ferramentas de bioinformática. **Metodologia:** A fim de realizar a caracterização quanto ao resistoma dos fagos foi empregado o software online CARD-RGI, com a submissão do genoma de dos possíveis prófagos de *Bradyrhizobium*, utilizando os critérios de “Perfect, Strict & Loose” e incluindo genes parciais. **Resultados:** A família de genes de resistência a antibióticos mais presentes na análise geral dos fagos identificados foram os genes da resistência à família de fármacos da rifamicina, seguidos pelos genes de resistência à fármacos da família da fluoroquinolona. Além disso, a família de genes predominante foi a da bomba de efluxo ABC, seguido pela família de genes da rifamicina mooxigenase. Paralelamente, o mecanismo de resistência majoritariamente encontrado nos prófagos foi o do efluxo de multidrogas com seis genes encontrados (RanA, novA, efrA, bcrA e 2 genes evgS), seguido por mecanismo de inativação de antibióticos com três genes descobertos(3 genes rox de *Nocardia farcinica*). Além disso, é importante citar que todos os genes identificados estão sob a categoria de genes “loose”. **Conclusão:** O estudo do resistoma do microbioma e viroma dos microrganismo encontrados no solo se mostra uma grande possibilidade inexplorada em estudos de bioinformática, e o presente estudo identificou descobertas interessantes sobre a composição do resistoma de fagos de bactérias do gênero *Bradyrhizobium*.

Palavras-chave: Rizobio, Bacteriófago, Resistoma, Genômica, Bioinformática.