ESTUDIO DEL RIESGO DE DISEMINACIÓN DE LA RESISTENCIA A ANTIBIÓTICOS DESDE HECES Y ESTIÉRCOL DE CORDEROS DE RASA ARAGONESA AL SUELO

Alcalá[1*], B., García[1], M.S., González[2,3], J.M., Lahoz[1], B., Reinoso-Peláez[4], E.L., Juan[1], T., Andrés-Barranco[1], S., Arenas[3], J., Jiménez de Bagües[1], M.P., Mainar-Jaime[3], R.C., Calvete[1], C., Marín[1], C.M. y Calvo[1,5], J.H.

[1]CITA-IA2. Av. Montañana 930, 50059, Zaragoza, España; [2]Gabinete Técnico Veterinario S.L.U., Barcelona, España; [3]Universidad de Zaragoza-IA2. C. Miguel Servet 177, 50013, Zaragoza, España; [4]INIA-CSIC. Ctra. de La Coruña km 7,5. 28040 Madrid, España; [5]ARAID. Av. Ranillas I-D, 50018, Zaragoza, España
*balcala@cita-aragon.es

INTRODUCCIÓN

Las bacterias presentes en el estiércol animal pueden ser importantes reservorios de genes de resistencia a los antibióticos (GRA) y de elementos genéticos móviles (EGM) que participan en la transmisión horizontal a otras especies (Aslam *et al*., 2021). El objetivo de este trabajo fue evaluar el riesgo potencial de transmisión de estos GRA desde las heces y el estiércol al suelo.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se obtuvieron muestras de 2 cebaderos (A y B) de heces animales (n=7), estiércol (n=5), estiércol madurado (n=4) y suelo antes (n=5) y después de ser abonado con estiércol madurado (n=4) del cebadero B. El ADN total se extrajo mediante kits comerciales, a partir de homogenizados de muestras, y se utilizó para realizar la secuenciación del metagenoma mediante nanoporos (MinION, Oxford Nanopore Technologies). La anotación de los genes se realizó mediante la plataforma EPI2ME y el *pipeline* ARMA (*Antibiotic Resistance Mapping Application*) a partir de la base de datos CARD. Los plásmidos y genes que codifican factores de virulencia se identificaron mediante PlasmidFinder y VirulenceFinder respectivamente, dentro de la plataforma Galaxy (https://usegalaxy.org). Los EGM se identificaron con el software MobileElementFinder a través de la plataforma del *Center for Genomic Epidemiology* (https://www.genomicepidemiology.org). El análisis y visualización de datos se realizó mediante el software ResistoXplorer.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La abundancia relativa de GRA fue similar entre heces y estiércol de ambas explotaciones, así como entre el estiércol madurado y sin madurar y entre los suelos abonados y no abonados. Sin embargo, se encontraron diferencias en el número de copias de GRA por Gb secuenciado entre el estiércol (363,09 ± 174,57) y ambos suelos (138,99 ± 30,12). Esto se reflejado en la diversidad α. El número de EGM mostró diferencias entre las heces del cebadero A (891,6 ± 207,32) y las del B (56,5 ± 12,02), además de marcadas diferencias en la composición de sus genes. No obstante, no se EGM en el conjunto de suelos (1 ± 1,19). En el total de las muestras, sólo el 1,51% de los GRA se detectaron en plásmidos. Respecto a la presencia de genes de virulencia, no se observaron diferencias significativas en abundancia entre los cebaderos, aunque el análisis de las heces y estiércol de ambas explotaciones sí reveló la abundancia diferencial de 23 genes que para factores de virulencia.

CONCLUSIÓN

A pesar de que tanto heces como estiércol contienen una gran cantidad de bacterias portadoras de GRA y EGM, su transmisión a la microbiota del suelo parece ser muy limitada. No obstante, en este trabajo detectamos diferencias en cuanto a la composición y número de EGM entre microbiota de heces y estiércol, lo cual podría afectar a la diferente diseminación de los GRA.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Aslam, B., Khurshid, M., Arshad, M.I., Muzammil, S., Rasool, M., Yasmeen, N., Shah, T., Chaudhry, T.H., Rasool, M.H., Shahid, A., Xueshan, X., Baloch, Z. 2021. Antibiotic Resistance: One Health One World Outlook. Frontiers in cellular and infection microbiology 11: 771510.

Agradecimientos: El proyecto GANARAM forma parte del Plan Complementario Agroalnext dentro del Plan Recuperación, Transformación y Resiliencia financiado por fondos Europea-Next Generation EU.