

## Metagenómica aplicada al estudio de genes de resistencia a antibióticos en comunidades bacterianas en establecimientos ganaderos

Ing. Agr. MSc. PhD. Pablo Rovira  
*Programa Nacional de Producción de Carne y Lana*  
INIA Treinta y Tres, [provira@inia.org.uy](mailto:provira@inia.org.uy)

**Palabras claves:** ganadería, metagenómica, resistencia antimicrobiana

El análisis metagenómico consiste en el secuenciado de ADN bacteriano para determinar la abundancia relativa de grupos taxonómicos y la presencia de genes de interés, como genes bacterianos que confieren resistencia a antibióticos (R-Ab). Actualmente, existe una discusión sobre la contribución relativa del uso de antibióticos en animales y humanos a la problemática global de la resistencia antimicrobiana. Una alternativa en discusión es eliminar drásticamente el uso de antibióticos en ganadería, como ocurre en los protocolos de producción “naturales” u “orgánicos”.

La aplicación del análisis metagenómico en estudios realizados en Estados Unidos y Canadá permitió estudiar el conjunto de genes R-Ab (“resistoma”) en comunidades bacterianas (“microbiomas”) en establecimientos ganaderos criando animales con o sin el uso de antibióticos (C-Ab y S-Ab, respectivamente). Se tomaron muestras de heces de los animales, de efluentes en las lagunas de almacenamiento y del suelo donde los efluentes habían sido aplicados. Luego de la extracción y secuenciado de ADN bacteriano, las secuencias metagenómicas fueron alineadas a bases de datos para la clasificación taxonómica e identificación de genes R-Ab a través del uso de diferentes procedimientos bioinformáticos.

En primer lugar, todas las muestras contenían genes R-Ab, incluso aquellas obtenidas de establecimientos S-Ab, confirmando que la resistencia antimicrobiana es un fenómeno natural dable de esperar en genomas bacterianos. Sin embargo, en general, las heces de los animales criados C-Ab presentaron una mayor abundancia relativa de genes R-Ab comparado con muestras de animales S-Ab. En total se encontró resistencia a más de 10 clases de antibióticos, predominando genes resistentes a tetraciclinas, macrólidos y  $\beta$ -lactámicos. Esto sugiere que, si bien la resistencia antimicrobiana es natural, puede ser favorecida mediante el uso de antibióticos en animales a través de la promoción de grupos bacterianos portadores de genes R-Ab. La composición del resistoma y microbioma en heces de animales, efluentes y suelos fue diferente, sugiriendo nichos ecológicos distintos y una baja probabilidad de que la aplicación esporádica de efluentes de animales genere cambios significativos en suelos agrícolas.

El análisis metagenómico es un enfoque promisorio para la vigilancia y control de comunidades bacterianas y sus genes R-Ab en ambientes agropecuarios. Es necesaria

mayor investigación para clasificar los distintos resistomas en términos del riesgo para salud pública, no sólo determinar la presencia del gen R-Ab sino también el huésped (bacteria comensal o patógeno) y su ubicación en el genoma (en cromosoma bacteriano o en elemento genético móvil).