

BRS: UMA FERRAMENTA PARA DETECÇÃO DE GENES DE RESISTÊNCIA A BIOCIDAS EM ELEMENTOS MÓVEIS

JOÃO PEDRO GOMES GRECO¹; ELIAS EDUARDO BARBOSA DA ROSA²; FREDERICO SCHMITT KREMER³

¹Universidade Federal de Pelotas – jao.greco@ufpel.edu.br

²Universidade Federal de Pelotas - eliaseduardobarbosa@gmail.com

³Universidade Federal de Pelotas – fredericok.cdtec@ufpel.edu.br

1. INTRODUÇÃO

O aumento da resistência bacteriana a biocidas representa uma ameaça emergente à saúde pública, devido à sua correlação com resistência cruzada a antibióticos e sua disseminação em ambientes clínicos, domésticos e industriais (PENDLETON et al., 2013; RICE, 2008). Essa problemática é ainda mais preocupante considerando patógenos do grupo ESKAPE e agentes zoonóticos como *Campylobacter jejuni*, que causam doenças entéricas em humanos e são amplamente distribuídos em alimentos e ambientes hídricos (ELMI et al., 2021). Neste cenário, abordagens baseadas em genômica e metagenômica têm sido aplicadas para monitorar genes de resistência em amostras clínicas e ambientais (HENDRIKSEN et al., 2019).

O *Biocide Resistance Scanner* (BRS) foi concebido como uma ferramenta bioinformática capaz de detectar genes de resistência a biocidas em elementos genéticos móveis (mobiloma), cuja importância reside na sua capacidade de facilitar a transferência horizontal desses genes (DA ROSA; KREMER, 2024). O objetivo deste estudo foi descrever o desenvolvimento da pipeline BRS e aplicar a ferramenta na análise do pangenoma de *C. jejuni*, visando caracterizar a distribuição de genes de resistência e sua associação com elementos móveis.

2. METODOLOGIA

O BRS foi desenvolvido em Python, com ambiente configurado via Conda, e integra múltiplos módulos: runners, responsáveis pela execução dos programas externos, e um merger, que consolida os resultados em arquivos CSV. A ferramenta utiliza bases de dados como ABRICATE (resistência a antibióticos), BacMet2 (resistência a biocidas), e ferramentas específicas para identificação de elementos móveis: Platon (plasmídios), PhiSpy (profagos) e SSG-LUGIA (ilhas genômicas). O código-fonte está disponível no repositório GitHub (<https://github.com/omixlab/biocide-resistance-scanner>). Como aplicação prática, foram analisados 3.260 genomas completos de *C. jejuni* obtidos do GenBank, usando o NCBI Datasets CLI. A caracterização do pangenoma e do genoma central foi realizada via PIRATE, enquanto o BRS foi utilizado para a predição de genes de resistência a antibióticos e biocidas e sua localização nos elementos móveis.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

O pangenoma de *C. jejuni* analisado foi composto por 4.217 genes, sendo 1.206 integrantes do genoma central e 3.011 classificados como genes acessórios. Entre os genes de resistência detectados, três bombas de efluxo (*cmeA*, *cmeC* e *cmeR*) foram encontradas no genoma central, sugerindo sua ampla conservação e possível importância adaptativa. Foram identificados ainda 33 genes de resistência no genoma acessório. O gene *tetO*, importante marcador de resistência a tetraciclinas, foi detectado em 56,68% das cepas, estando localizado em plasmídios, regiões cromossômicas e também em regiões integradas de profagos, evidenciando múltiplas rotas de manutenção e disseminação via elementos móveis. A análise demonstrou que, apesar de muitos genes não estarem associados diretamente a elementos móveis, alguns genes-chave como *tetO* apresentaram ampla distribuição nesses contextos. O BRS diferencia-se de *pipelines* como *Beav* e *EBI's Mobilome Annotation Pipeline*, oferecendo maior cobertura na detecção de elementos móveis e incluindo especificamente genes de resistência a biocidas (JUNG et al., 2024).

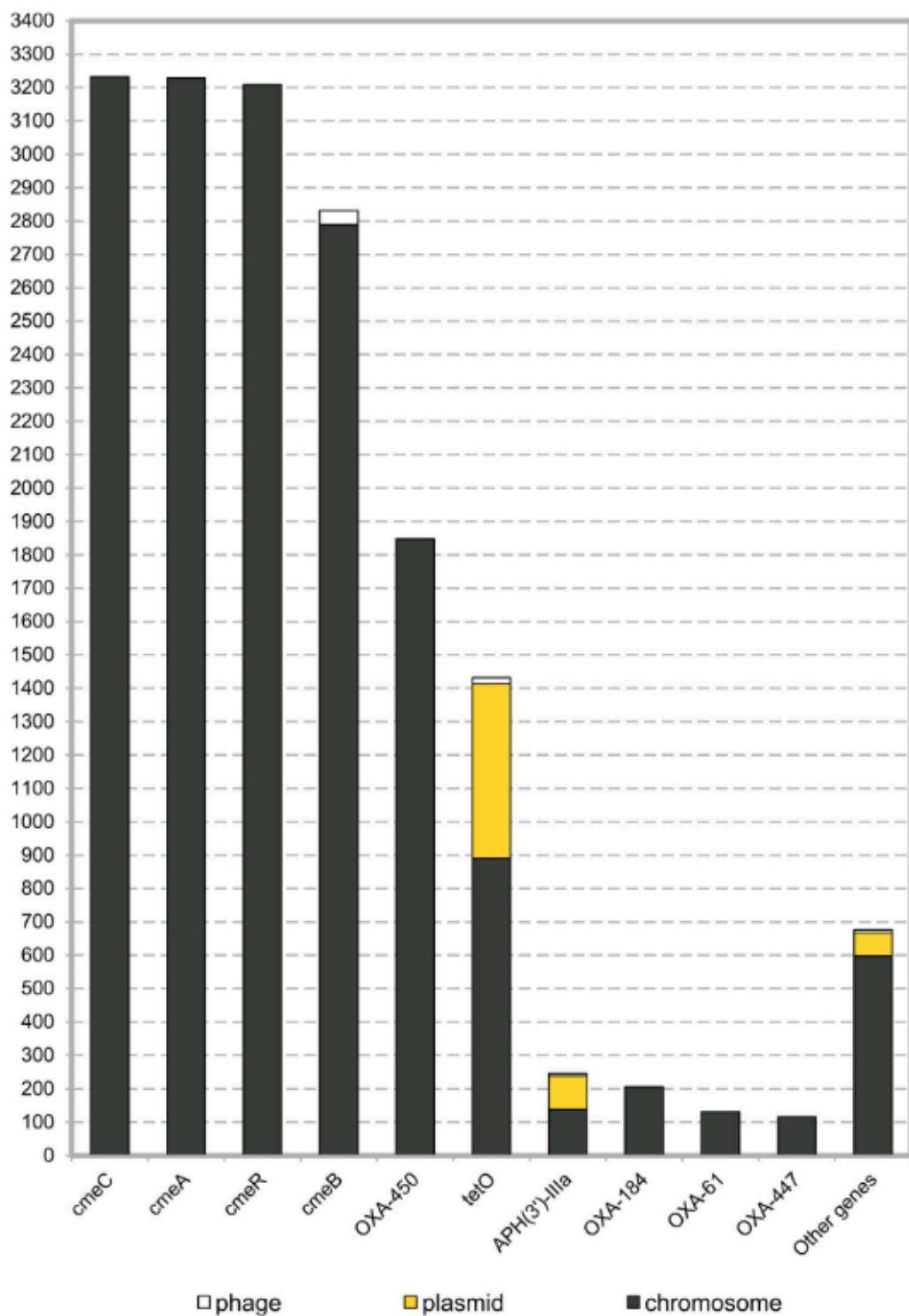


Figura. 1. Distribuição de diferentes genes de resistência antimicrobiana no pangenoma de *Campylobacter jejuni* e sua presença em (pró)fagos, plasmídeos e outras regiões cromossômicas.

4. CONCLUSÕES

O BRS configura-se como uma ferramenta robusta e inovadora para a vigilância genômica de genes de resistência a biocidas e antibióticos, especialmente quando associados a elementos móveis, o que potencializa sua aplicabilidade em estudos epidemiológicos, clínicos e ambientais. Sua arquitetura

modular permite futuras expansões, incluindo novas bases de dados e elementos genéticos como transposons, otimizando a análise do resistoma bacteriano.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

DA ROSA, E.E.B.; KREMER, F.S. The mobilome landscape of biocide-resistance in Brazilian ESKAPE isolates. Brazilian Journal of Microbiology, [S.I.], v.55, p.3603-3616, 2024. <https://doi.org/10.1007/s42770-024-01450-7>.

ELMI, A.; NASHER, F.; DORRELL, N.; WREN, B.; GUNDOGDU, O. Revisiting *Campylobacter jejuni* virulence and fitness factors: Role in sensing, adapting, and competing. Frontiers in Cellular and Infection Microbiology, [S.I.], v.10, 2021. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2020.607704>.

HENDRIKSEN, R.S.; BORTOLAIA, V.; TATE, H.; TYSON, G.H.; AARESTRUP, F.M.; MCDERMOTT, P.F. Using genomics to track global antimicrobial resistance. Frontiers in Public Health, [S.I.], v.7, 2019. <https://doi.org/10.3389/fpubh.2019.00242>.

JUNG, J.M.; RAHMAN, A.; SCHIFFER, A.M.; WEISBERG, A.J. Beav: a bacterial genome and mobile element annotation pipeline. mSphere, [S.I.], v.9, 2024. <https://doi.org/10.1128/msphere.00209-24>.

KIM, D.-W.; CHA, C.-J. Antibiotic resistome from the One-Health perspective: understanding and controlling antimicrobial resistance transmission. Experimental & Molecular Medicine, [S.I.], v.53, p.301-309, 2021.

KREMER, F.S.; GRECO, J.P.G.; ROSA, E.E.B. BRS: A tool for detecting biocide resistance in mobile elements. Software Impacts, [S.I.], v.24, 100758, 2025. <https://doi.org/10.1016/j.simpa.2025.100758>.

PENDLETON, J.N.; GORMAN, S.P.; GILMORE, B.F. Clinical relevance of the ESKAPE pathogens. Expert Review of Anti-Infective Therapy, [S.I.], v.11, n.3, p.297-308, 2013.

RICE, L.B. Federal funding for the study of antimicrobial resistance in nosocomial pathogens: no ESKAPE. Journal of Infectious Diseases, [S.I.], v.197, n.8, p.1079-1081, 2008.