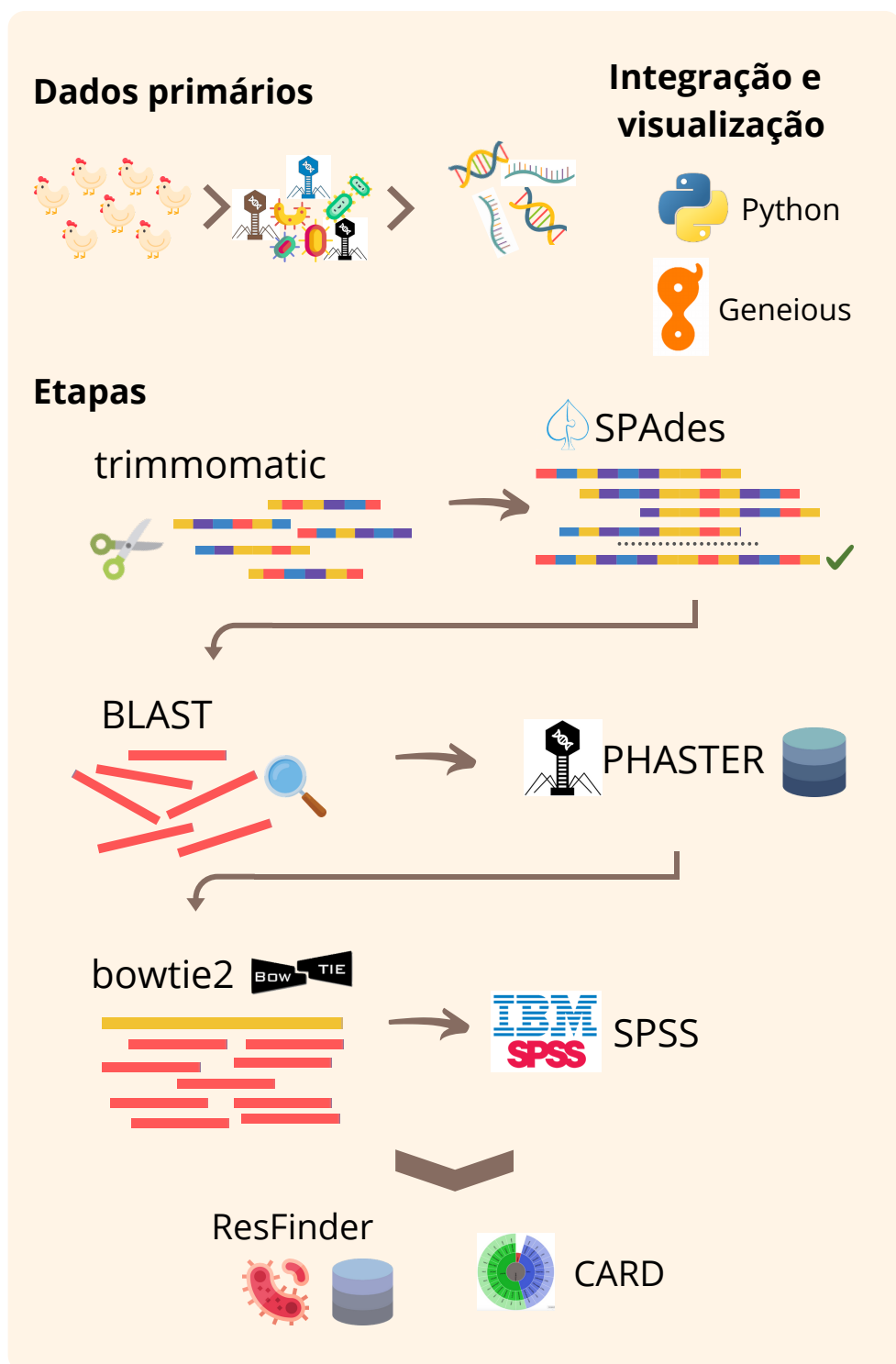


INTRODUÇÃO

Bacteriófagos (ou fagos) são vírus que infectam bactérias e podem transferir genes de resistência antimicrobiana entre seus hospedeiros, estando associados a patologias em humanos e outros animais. A Síndrome da Má Absorção (SMA) é uma condição patológica que afeta o crescimento e sistema imune de aves, sendo importante causa de morte em granjas. O objetivo deste estudo é caracterizar o perfil de fagos presentes em viromas de aves saudáveis e com SMA e identificar genes de resistência antimicrobiana nesses genomas.

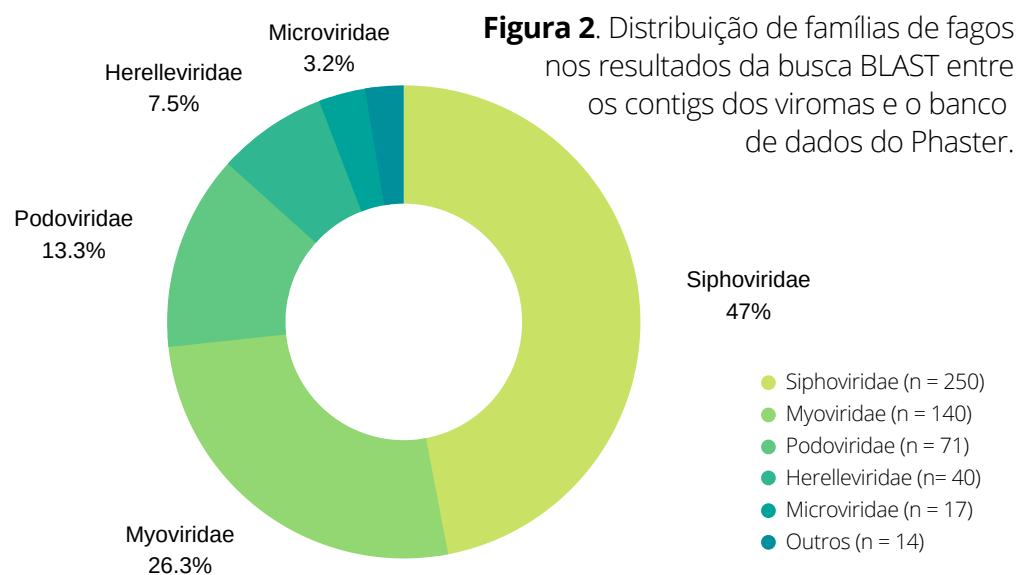
MATERIAIS E MÉTODOS

Figura 1. Etapas realizadas e ferramentas utilizadas para a identificação e caracterização dos fagos presentes nos viromas analisados.



RESULTADOS

Foram identificados 11.681 contigs relacionados a fagos, entre os quais estão 542 espécies (Figura 2). Após análise estatística com o Teste de Friedman, pode-se observar diferença significativa ($p = 0,046$) nos perfis dos fagos crAssphage, Salmonella phage 64795_sal3, Bacteroides phage B40-8 e B124-14, que foram mais abundantes nos animais doentes. Análises preliminares indiciam 10 tipos de resistência entre os viromas analisados (Tabela 1), no entanto esses resultados precisam ser mais investigados.



	Efluxo de antibiótico	Alteração do alvo	Inativação do antibiótico
mdtP	X		
bacA		X	
msbA	X		
TEM-17			X
emrE	X		
H-NS	X		
mdtE	X		
mdtF	X		
gadX	X		
TEM-171			X

Tabela 1. Genes de resistência encontrados nos viromas através da ferramenta CARD

CONCLUSÃO

O papel dos bacteriófagos encontrados, assim como das bactérias relacionadas, como agentes etiológicos diretos ou indiretos da SMA precisa ser elucidado. O mapeamento do perfil viral das aves poderá auxiliar em estratégias de tratamento e prevenção da síndrome. As etapas seguintes do estudo incluem análise individual das amostras e caracterização dos genomas completos identificados.