



GENOMAS PROCARIOTOS

PARTE 2

Aparecida Maria Fontes

Ribeirão Preto – Fevereiro/ 2019

aparecidamfontes@usp.br

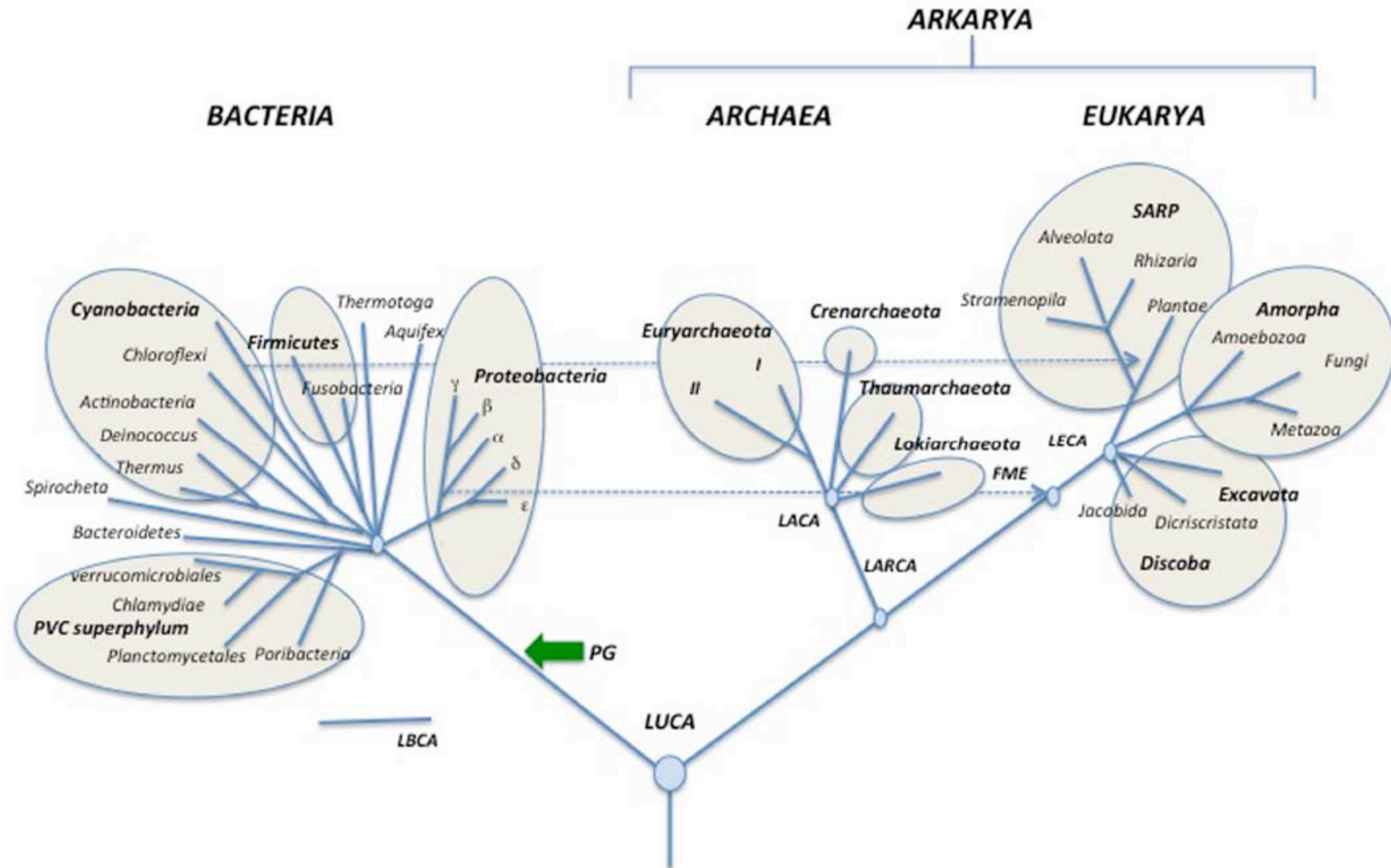
Conteúdos Principais:

- Distribuição dos Procariotos
- Filogenia principais grupos
- Projeto Microbioma Humano
- Microbioma do Trato Gastro Intestinal
- Bactérias mais comuns do ambiente hospitalar
 - *Staphylococcus aureus*
 - *Neisseria meningitidis*
- Exercícios

Distribuição dos procariotos

Habitat	Número de procariotos ($\times 10^{28}$)	Carbono total em procariotos ($\times 10^{15}$ g)
Sub-superfície Oceano	355	303
Sub-superfície Terrestre	25-250	22-215
Solo	26	26
Oceanos, lagos e rios	12	2,2
Corpo Humano	0,00004	

Filogenia: principais grupos



[home](#) > [resources](#) > tools and technology

Tools and Technology

- Tools
- Protocols

Walkthroughs

Tools

Software and online resources used by, or developed as part of the HMP are provided here.

Please be aware that HMP1 funding ended in 2012, and therefore some of these resources may have changed, moved or been discontinued. This list is no longer regularly maintained.

Microbial Reference Genomes

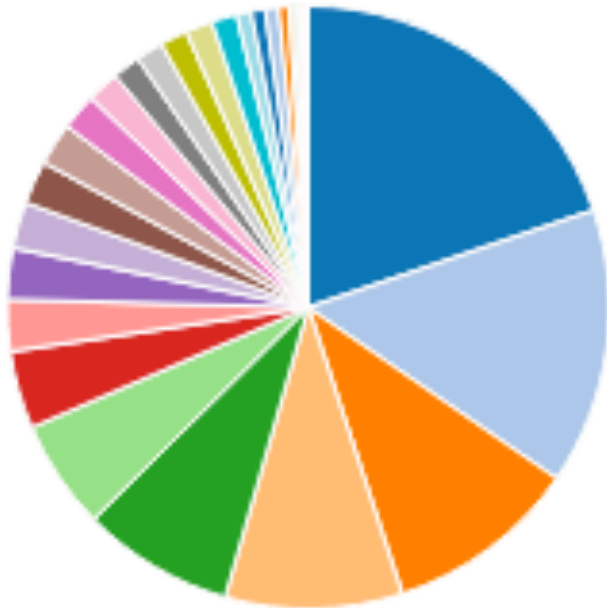
Sampling, Sequencing, & Analyses of 16S RNA

Sampling, Sequencing & Analysis of Whole Metagenomic Sequence

Projeto Microbioma Humano

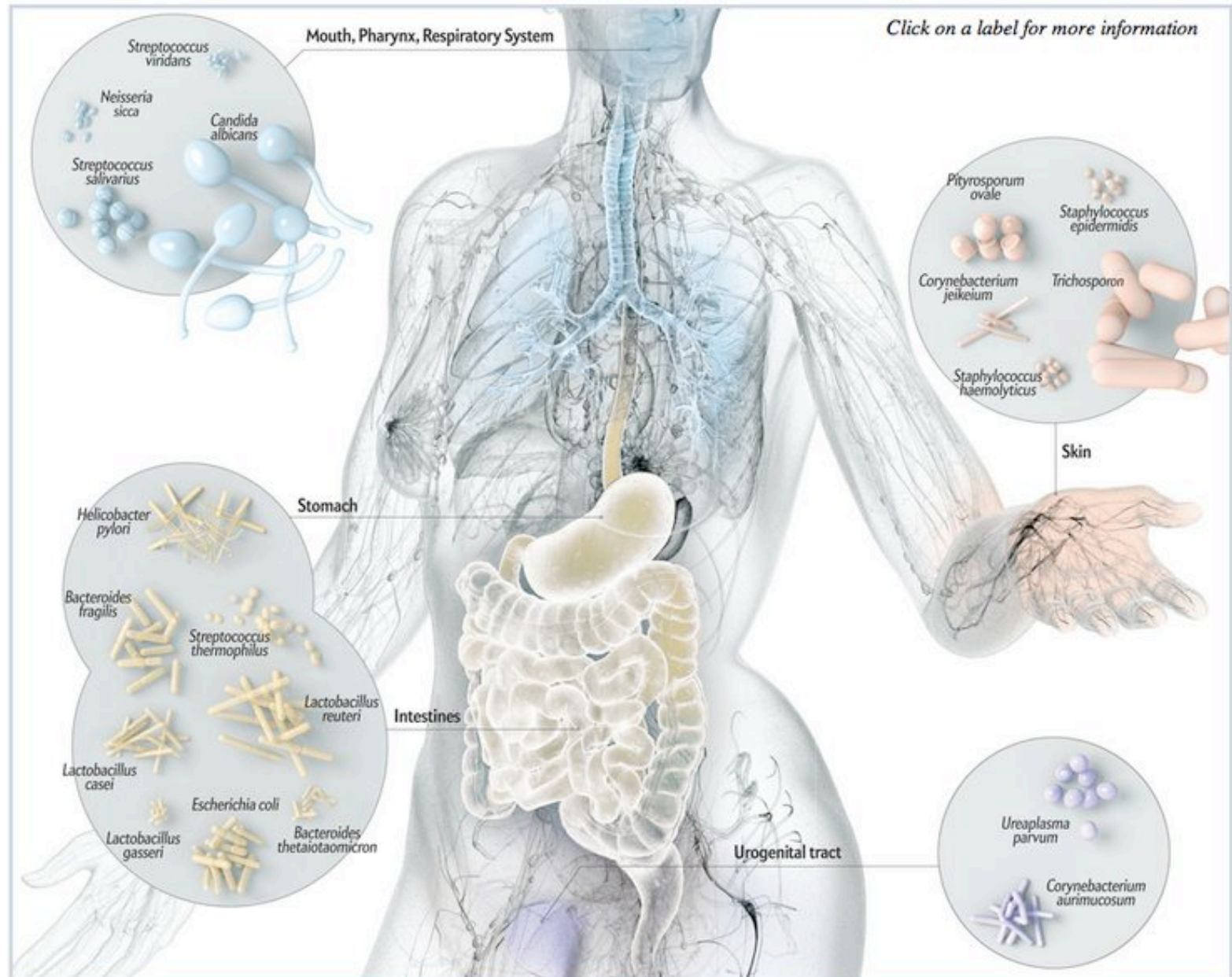
O Que é o Projeto Microbioma Humano?

- ❑ Um consórcio que envolve 45 Instituições de pesquisa e iniciado em 2008. Tem como objetivo caracterizar as comunidades microbianas encontradas em várias partes do corpo humano e analisar o papel desses micróbios na saúde humana e nas patologias.

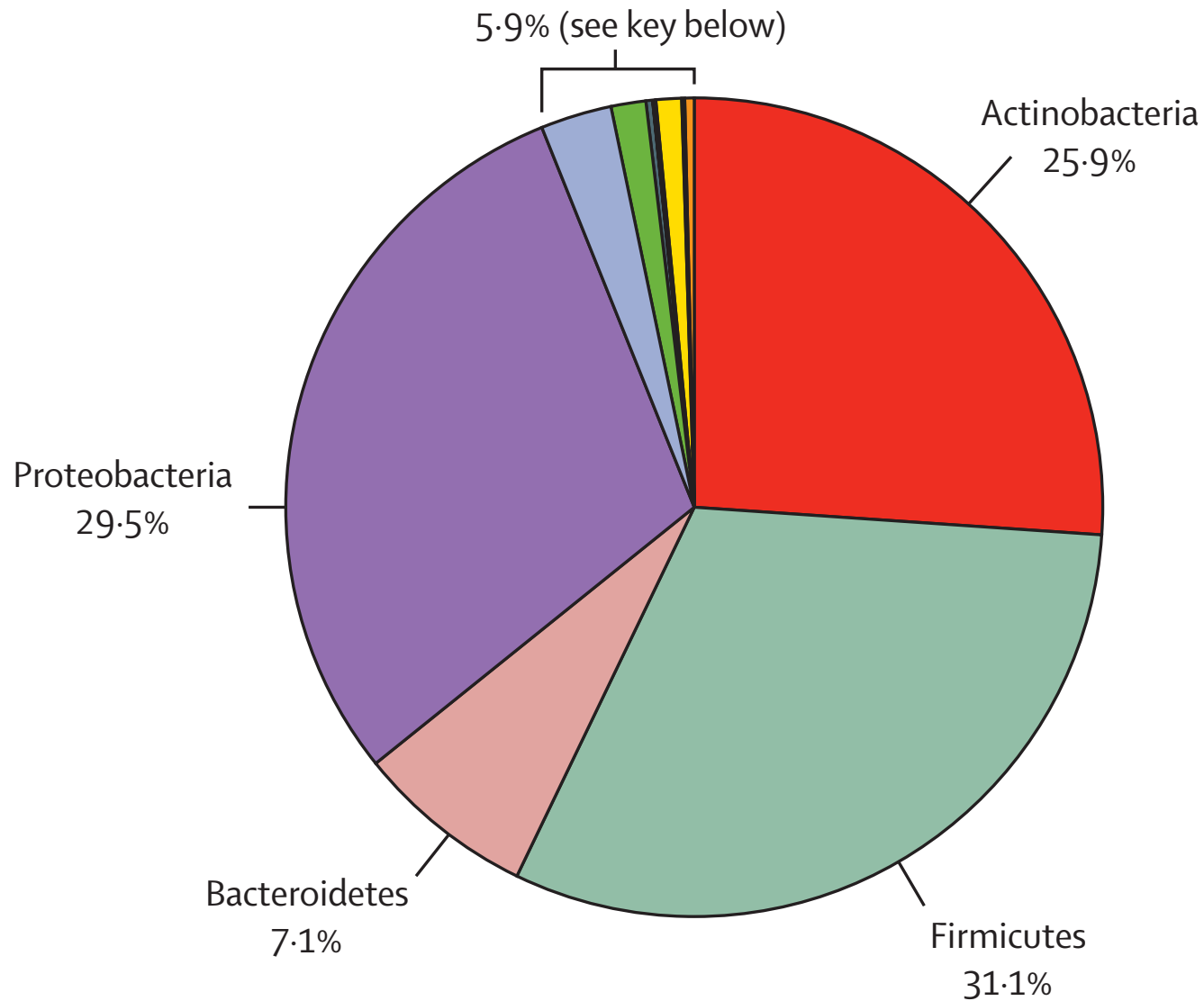


- ◆ Estão sendo analisadas 30,000 amostras de 48 locais do corpo humano .

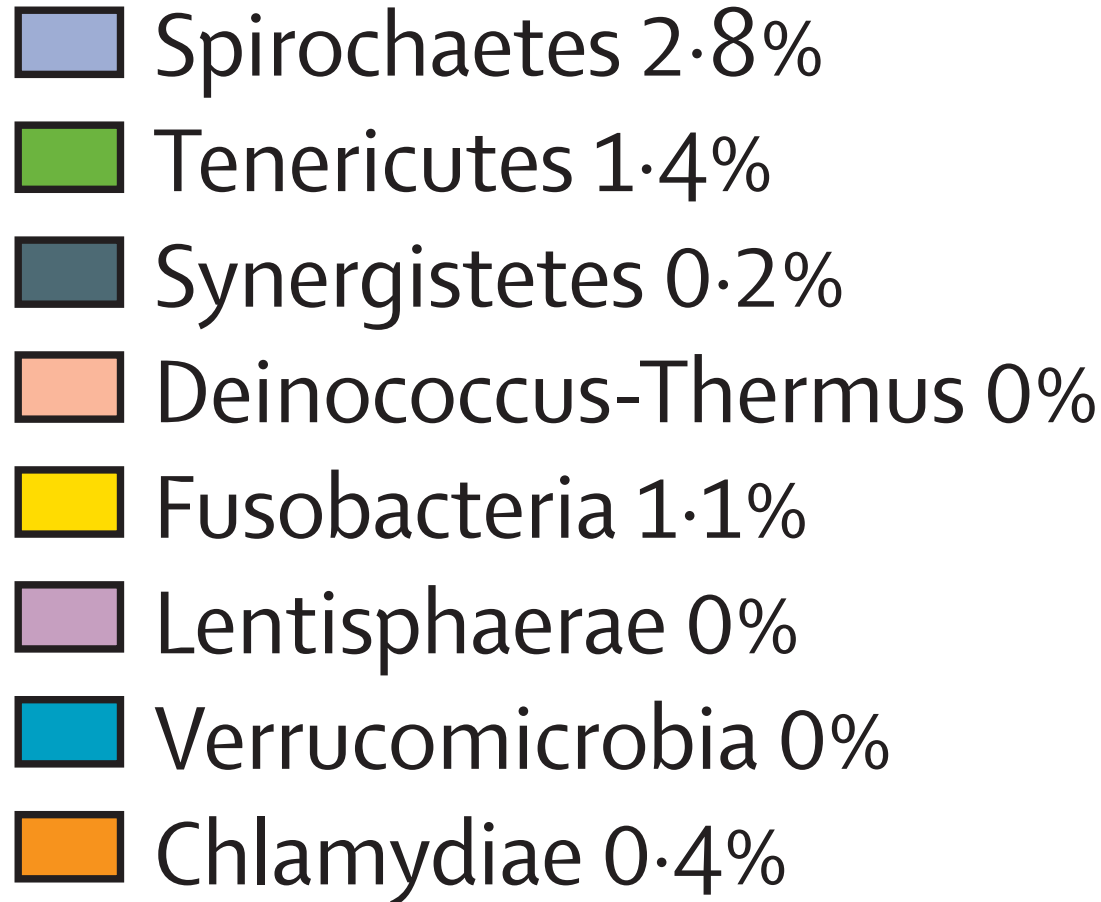
Microbioma Humano



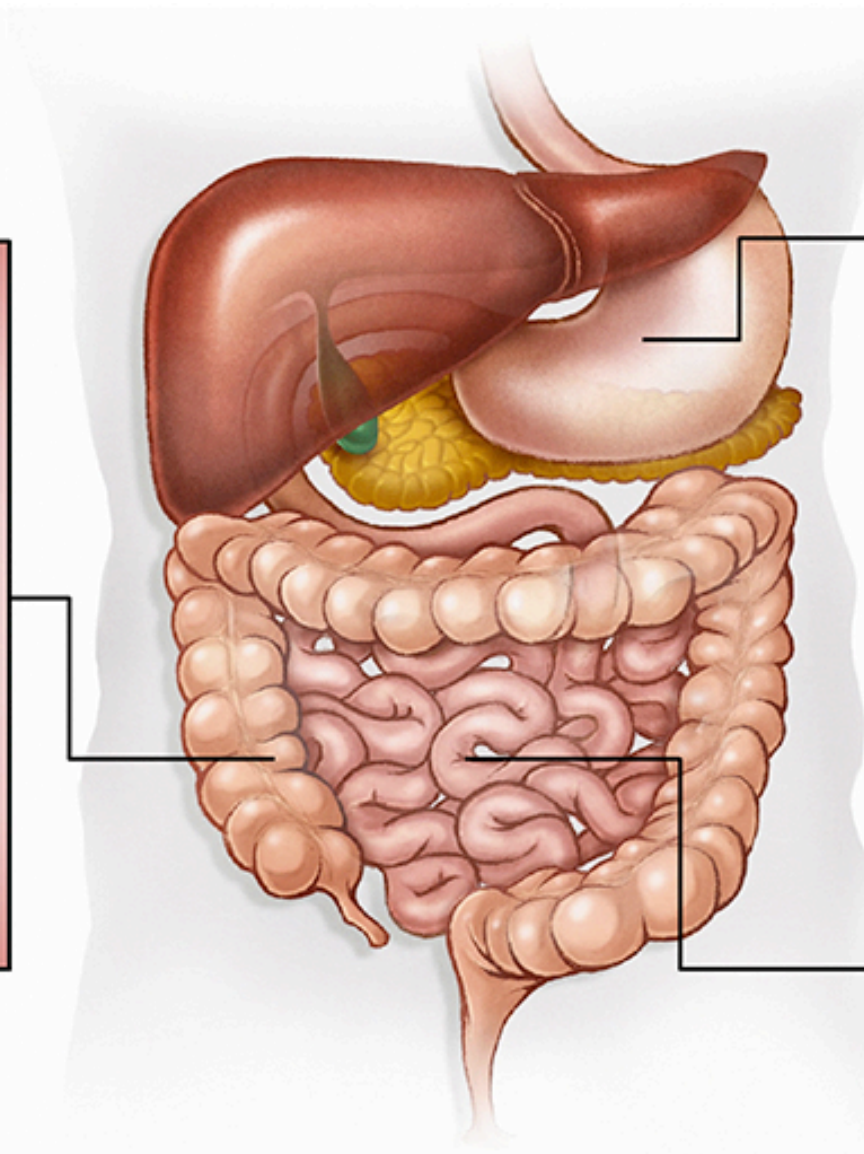
Filos do grupo Bacteria detectadas em humanos



Filos grupo Bacteria detectadas em humanos



Microbioma trato gastrointestinal



Colon

$> 10^{11}$ bacteria mL^{-1}

Alistipes spp.
Anaerostipes spp.
Bacteroides spp.
Bifidobacterium spp.
Clostridium cluster spp.
Dorea spp.
Eubacterium spp.
Faecalibacterium spp.
Parabacteroides spp.
Roseburia spp.
Ruminococcus spp.

Stomach

$10^2 - 10^4$ bacteria mL^{-1}

Lactobacillus spp.
Propionibacterium spp.
Streptococcus spp.
Staphylococcus spp.

Small intestine

$10^7 - 10^8$ bacteria mL^{-1}

Escherichia spp.
Bacteroides spp.
Clostridium cluster XIVa spp.
Lactobacillus spp.
Streptococcus spp.
Veillonella spp.

Microbioma trato gastrointestinal

Qual é o período do desenvolvimento humano que ocorre a formação do microbiota do trato gastrointestinal?

- ☐ A colonização do microbioma humano inicia-se algumas horas após o parto.
- ☐ Do nascimento aos 3 anos de idade é o período em que ocorre a colonização do trato gastro-intestinal de forma contínua e progressiva, com aumento gradual da diversidade filogenética.
- ☐ A amamentação influencia o tipo de colonização intestinal.
- ☐ A introdução dos alimentos sólidos está associado com o aumento da abundância de Bacteroidetes e uma mudança que facilita a utilização do lactato, carbodidrato, biosíntese de vitamina e degradação de xenobióticos.

Bactérias mais comuns ambiente hospitalar

- ❑ *Acinetobacter baumannii*
- ❑ *Candida albican*
- ❑ *Candida parapsilosis*
- ❑ *Enterococcus faecalis*
- ❑ *E. coli*
- ❑ *Klebsiella pneumoniae*
- ❑ ***Staphylococcus aureus***
- ❑ *Staphylococcus coagulase*
- ❑ *Stenotrophomonas maltophilia*

Staphylococcus aureus

European nucleotide archive

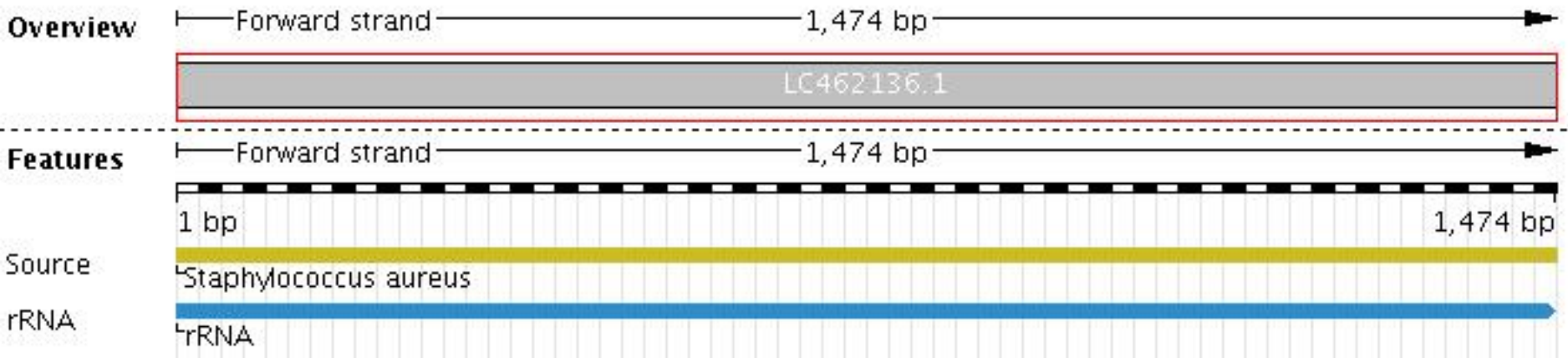
Firmicutes

Bacilli

Bacillales

Staphylococcaceae

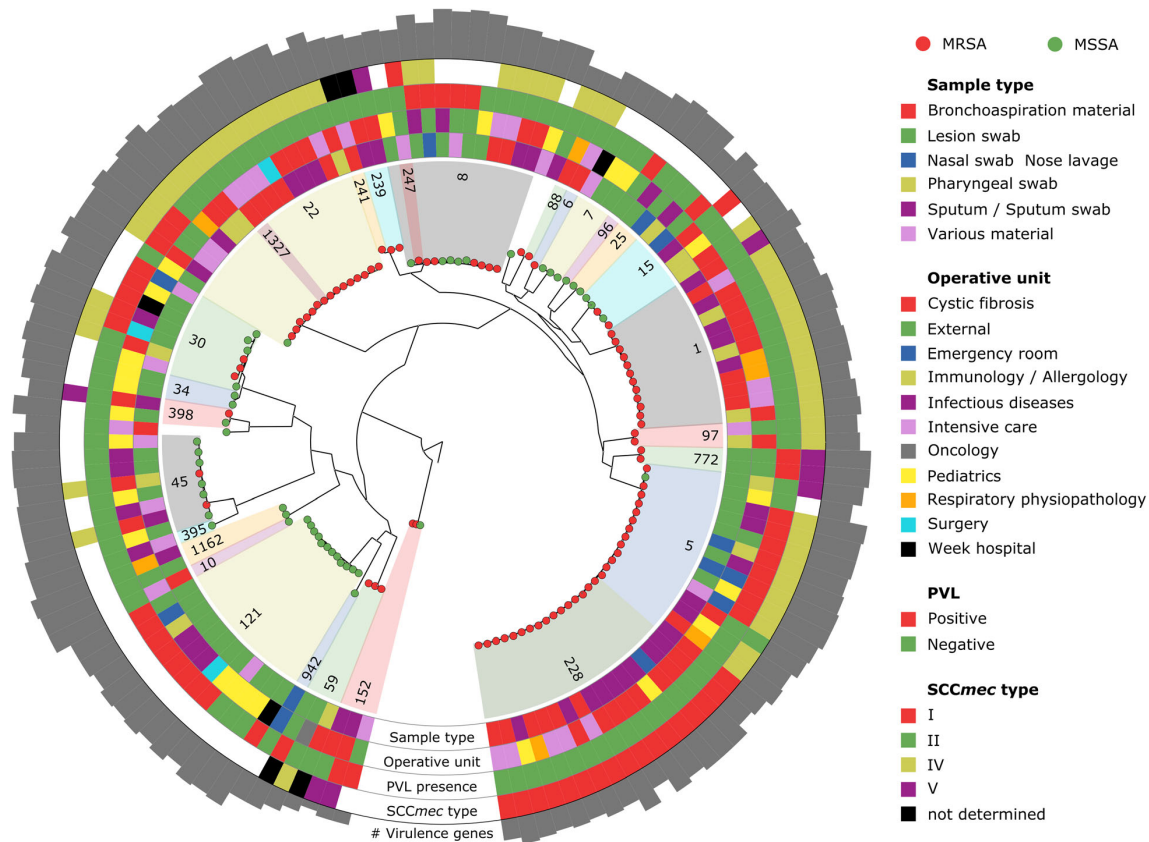
Staphylococcus



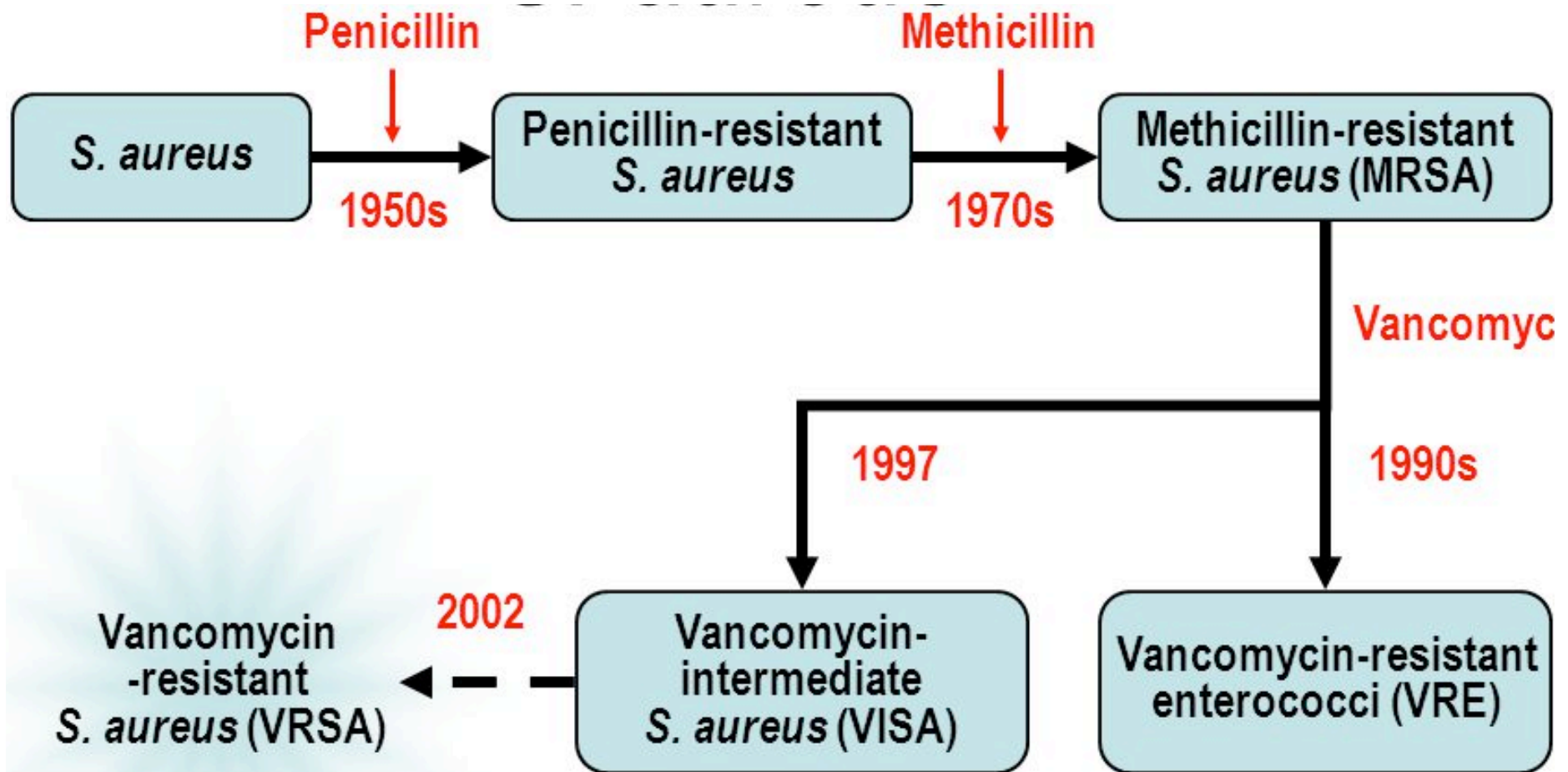
Staphylococcus aureus

❑ *Staphylococcus aureus*: problema clínico crescente devido o desenvolvimento agressivo de resistência a antibióticos.

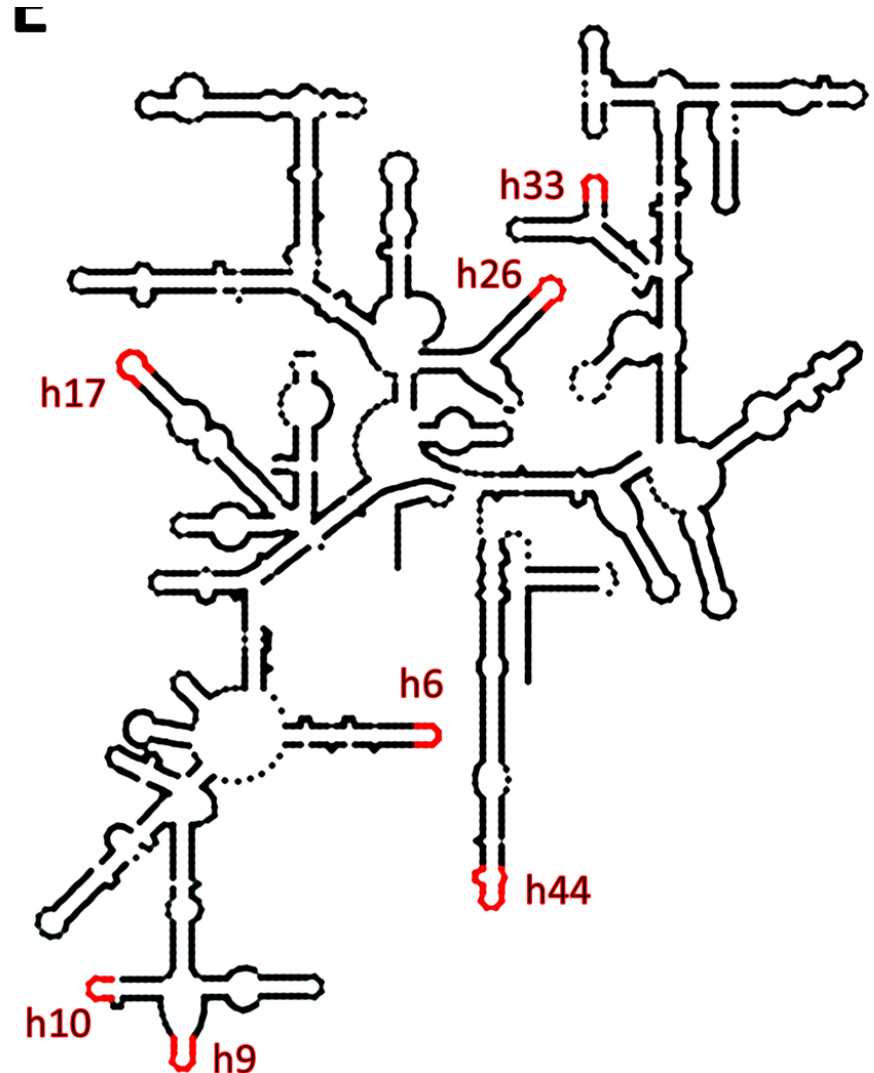
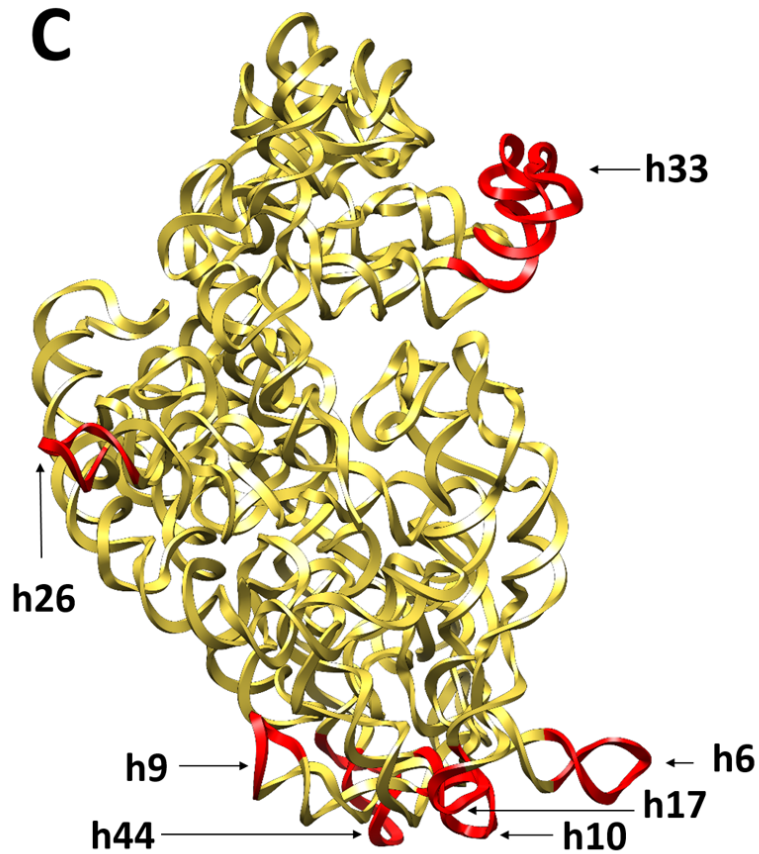
◆ Principal causa de infecção bacteriana nos países desenvolvidos.



Resistência a antibióticos em *S. aureus*

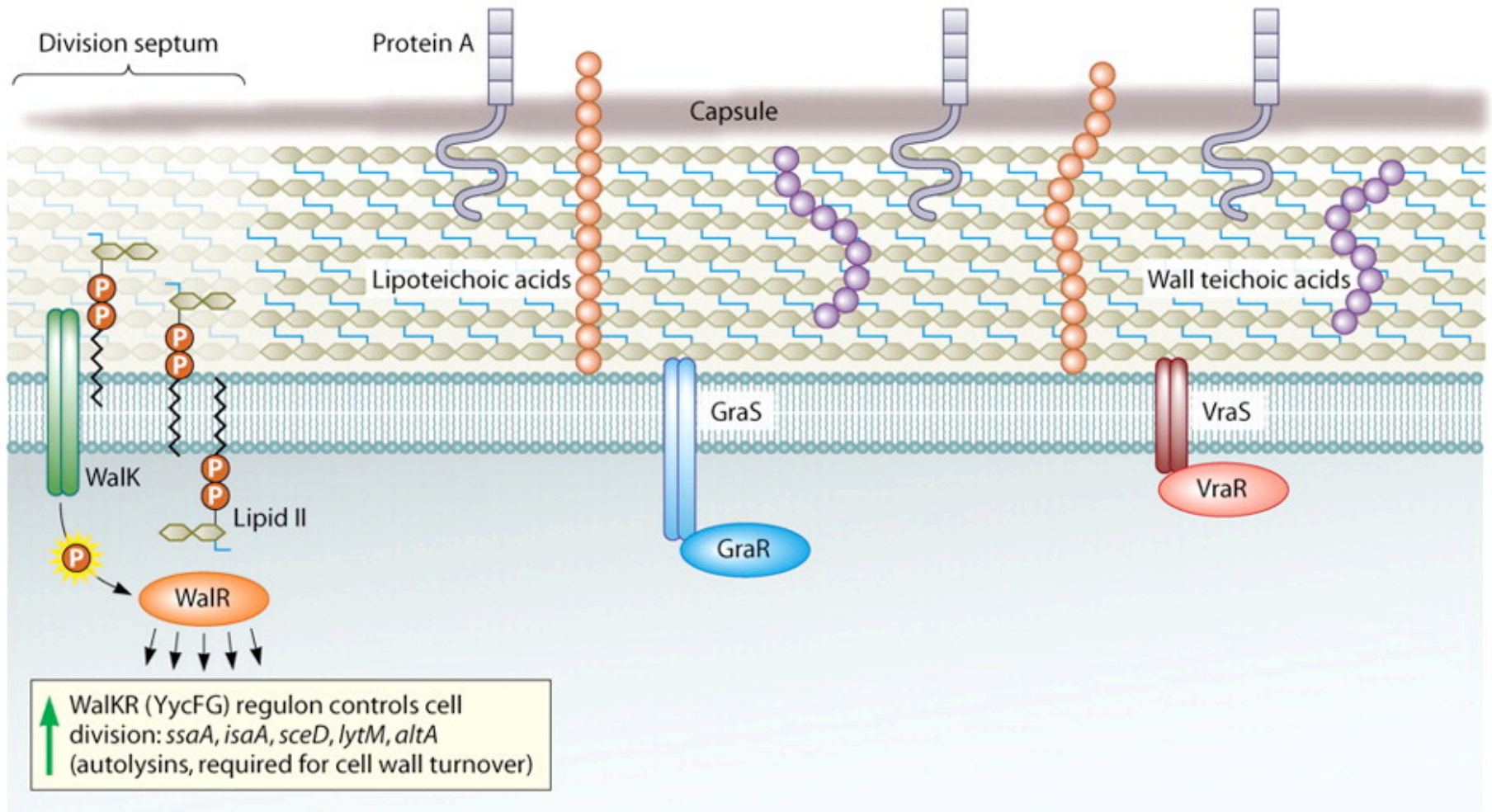


16S rRNA *S. aureus*

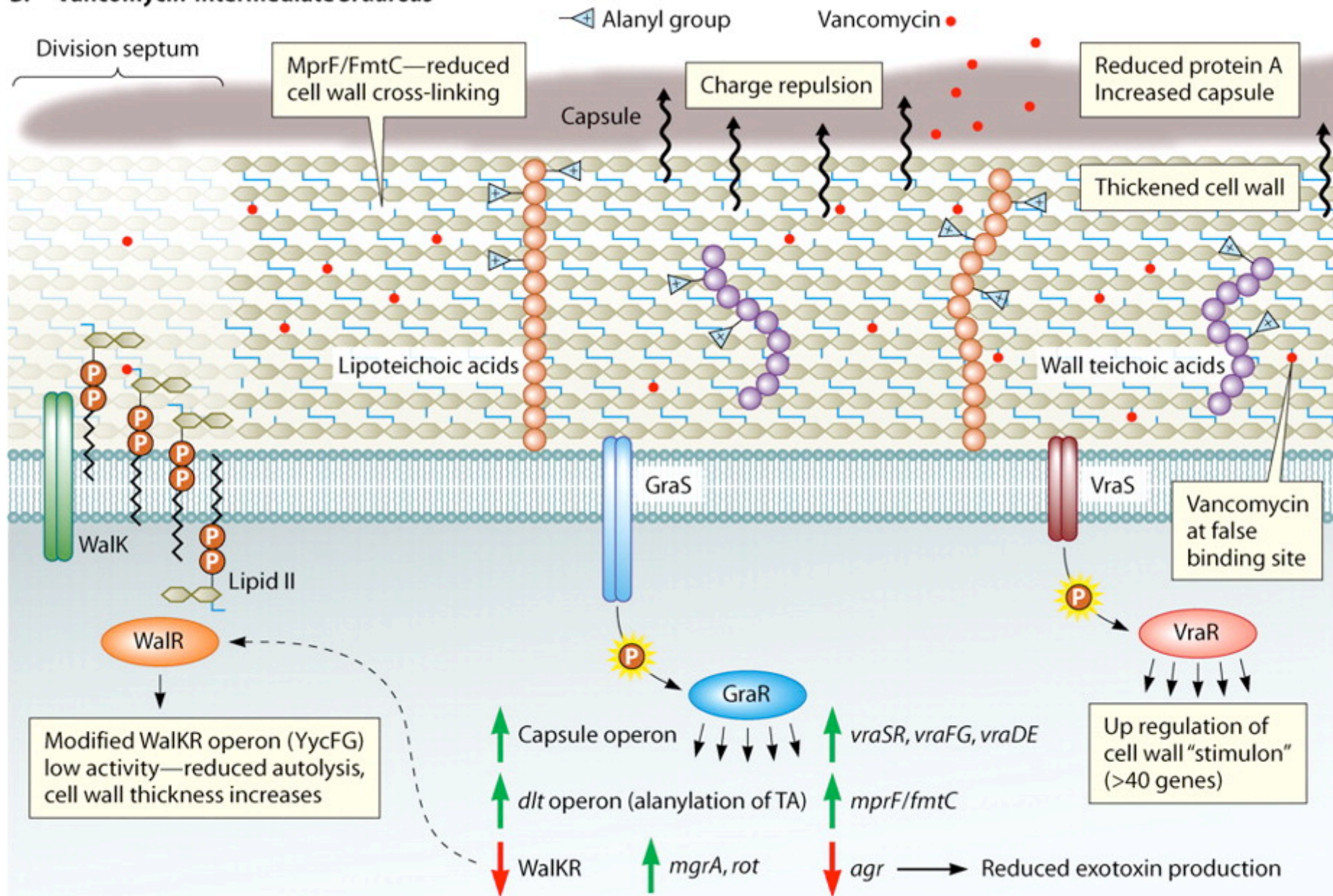


S. aureus sensível a vancomycin

A. Vancomycin-susceptible *S. aureus*

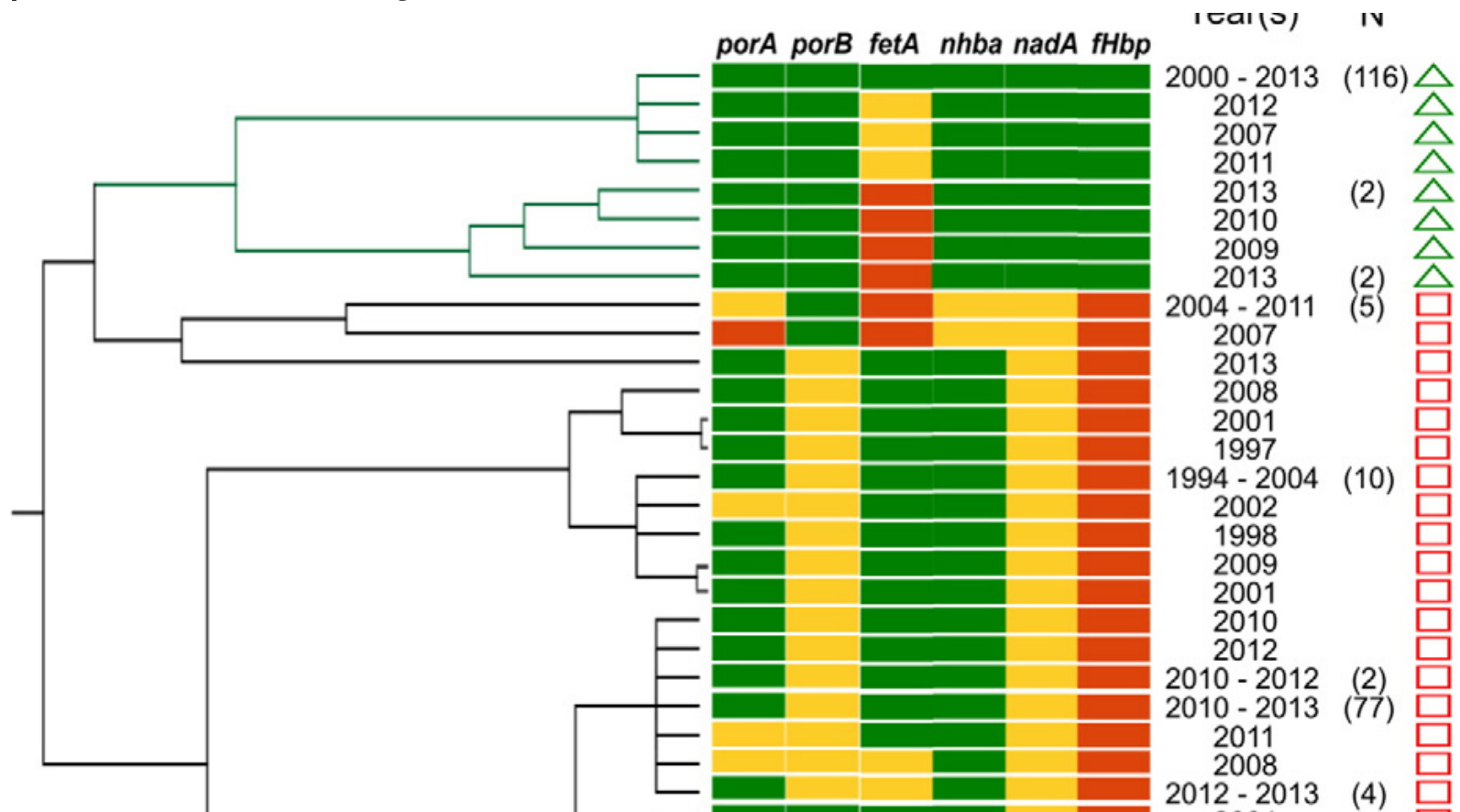


B. Vancomycin-intermediate *S. aureus*



Neisseria meningitidis

- ❑ *Neisseria meningitidis*: serogrupo B – principal causa de meningite e septicemia em crianças e adolescentes.



Neisseria meningitidis

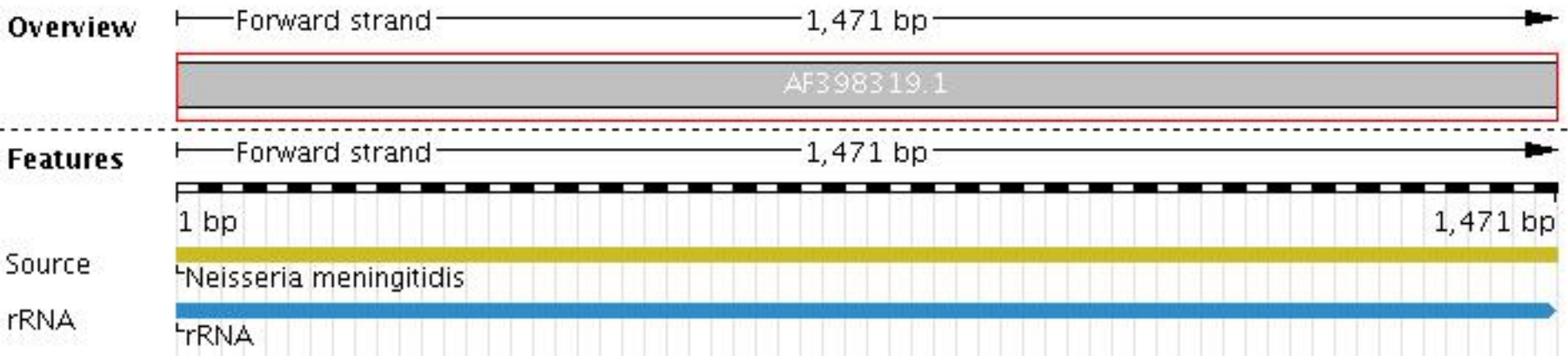
Proteobacteria

Betaproteobacteria

Neisseriales

Neisseriaceae

Neisseria



Exercícios

- ❑ Determine: Filo, Classe, Ordem e Família das principais bactérias de ambiente hospitalar
- ❑ Qual o Filo mais abundante?
- ❑ Qual o tamanho do 16S rRNA das principais bactérias de ambiente hospitalar?

Bibliografia

Marchesi, J.R., 2017: The Human Microbiota and Microbiome – Capítulo 9: The Gut Microbiota in Health and Disease

Mustapha et al., 2015: Genomic Epidemiology of Hypervirulent Serogroup W, ST-11 *Neisseria meningitidis*. *EBioMedicine* 2:1447-1455

Howden, B.J.. et al., 2010: Reduced Vancomycin Susceptibility in *Staphylococcus aureus*, Including Vancomycin-Intermediate and Heterogeneous Vancomycin-Intermediate Strains: Resistance Mechanisms, Laboratory Detection, and Clinical Implications. *CLINICAL MICROB REV.* 23: 99–139

Manara et al., 2018: Whole-genome epidemiology, characterisation, and phylogenetic reconstruction of *Staphylococcus aureus* strains in a paediatric hospital. *Genome Medicine* 10:82.

Khusainov et al., 2016: Structure of the 70S ribosome from human pathogen *Staphylococcus aureus*. *Nucl. Acid. Res.* 44:10491.