



IDENTIFICAÇÃO DE GENES DE RESISTÊNCIA A ANTIMICROBIANOS EM ISOLADOS DE EDWARDSIELLA TARDA ORIUNDOS DE PEIXES NO BRASIL

XVII Encontro Brasileiro de Patologistas de Organismos Aquáticos, 1ª edição, de 04/10/2023 a 06/10/2023
ISBN dos Anais: 978-65-5465-040-3

TRINDADE; Júlia Miranda¹, ROCHA; Victória Pontes², NOGUEIRA; Luiz Fagner Ferreira³, FIGUEIREDO; Henrique César Pereira⁴, TAVARES; Guilherme Campos⁵

RESUMO

Edwardsiella tarda é um bastonete Gram-negativo, responsável por prejuízos na aquicultura mundial. Na tentativa de reduzir as perdas econômicas na produção, são utilizados antimicrobianos para o controle dessa infecção bacteriana. No entanto, o contato com antimicrobianos em concentrações subinibitórias pode, muitas vezes, levar a manifestação de resistência a esses fármacos, com a possível dispersão de genes de resistência em diversas populações bacterianas. Verificar a existência desses alvos é extremamente importante para o estudo de medidas epidemiológicas acerca do controle profilático de enfermidades. Entretanto, no Brasil, ainda não há nenhum estudo que aborde a detecção de genes de resistência em isolados de *E. tarda*. Dessa forma, objetivou-se realizar a identificação de genes de resistência em isolados de *E. tarda* provenientes de peixes nativos e exóticos de diferentes localidades no Brasil. Para isso, foram selecionados 71 isolados de *E. tarda* das bacteriotecas do Laboratório de Doenças dos Animais Aquáticos da UFMG (AQUAVET) e do Laboratório de Microbiologia Aplicada (LAMAQ) da Universidade Nilton Lins, os quais tinham a confirmação da identificação a nível de espécie realizada por PCR multiplex ou sequenciamento do gene *dnaJ*. Os materiais genéticos dos isolados, extraídos e quantificados, foram testados quanto a presença de genes de resistência a β -lactâmicos (*bla*_{TEM}), tetraciclina (*tetA*), sulfonamidas (*sul1*) e florfenicol (*floR*), através de PCRs. Os amplicons resultantes foram separados por meio de eletroforese capilar, no QIAxcell Advanced, por meio das instruções do fabricante. A fim de confirmar se os fragmentos amplificados eram realmente referentes aos genes de resistência, foram realizados a purificação e o sequenciamento dos amplicons referentes aos genes analisados. Os genes *bla*_{TEM}, *tetA*, *sul1* e *floR* foram identificados em 39,43% (28/71), 47,88% (34/71), 11,26% (8/71), 19,71% (14/71) dos isolados, respectivamente. Um total de 12,67% (9/71) dos isolados apresentaram 3 genes de resistência e apenas 1,40% (1/71) apresentou todos os 4 genes. Os resultados revelaram a presença de genes de resistência em diferentes proporções nos isolados analisados. Quase metade dos isolados apresentaram gene de resistência para tetraciclina, despertando uma preocupação em virtude da oxitetraciclina ser uma das duas drogas licenciadas para utilização nas pisciculturas brasileira. Em adição, a detecção de múltiplos genes de resistência em alguns isolados ressalta a complexidade da resistência antimicrobiana e a importância de estratégias de controle mais abrangentes. Fonte financiadora: CAPES (Processo: 88881.200614/2018-01) e CNPq (Processo: 400843/2021-8).

PALAVRAS-CHAVE: Antibiótico, Biologia Molecular, Edwarsielose, Piscicultura

¹ Universidade Federal de Minas Gerais, juliamirandatrindade@outlook.com

² Universidade Federal de Minas Gerais, mvvictoriapr@gmail.com

³ Universidade Federal de Minas Gerais, fagnerfnogueira@outlook.com

⁴ Universidade Federal de Minas Gerais, figueiredoh@yahoo.com

⁵ Universidade Federal de Minas Gerais, gcamposvet@hotmail.com

¹ Universidade Federal de Minas Gerais, juliamirandatrindade@outlook.com
² Universidade Federal de Minas Gerais, mvvictoriapr@gmail.com
³ Universidade Federal de Minas Gerais, fagnerfnogueira@outlook.com
⁴ Universidade Federal de Minas Gerais, figueiredoh@yahoo.com
⁵ Universidade Federal de Minas Gerais, gcamposvet@hotmail.com