



ESPÉCIES DE EDWARDSIELLA SPP. CIRCULANTES EM TILAPICULTURAS NO BRASIL E IDENTIFICAÇÃO DE GENES DE RESISTÊNCIA A ANTIMICROBIANOS EM SEUS GENOMAS

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

EGGER; Renata Catão ¹, NOGUEIRA; Luiz Fagner Ferreira ², ROSA; Júlio César Câmara ³, SOTO; Esteban ⁴, FIGUEIREDO; Henrique César Pereira ⁵

RESUMO

Edwardsiella spp. é uma enterobactéria gram-negativa da família *Hafniaceae* e diferentes espécies do gênero *Edwardsiella* são patogênicas para peixes. No Brasil, essa bactéria tem sido associada a casos frequentes de mortalidade em tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*) e atualmente a antibioticoterapia é a principal ferramenta empregada para o tratamento e controle da infecção por *Edwardsiella* spp. no país. Dessa forma, este estudo teve como objetivo determinar a classificação taxonômica das espécies de *Edwardsiella* spp. acometendo tilápias do Nilo no Brasil e identificar genes associados à resistência a antimicrobianos (AMR) no genoma dos isolados bacterianos obtidos. Isolados de *Edwardsiella* spp. foram coletados durante a rotina de diagnósticos do Laboratório de Doenças de Animais Aquáticos entre 2015 e 2022 de tilápias cultivadas em diferentes regiões do país (Sudeste=25, Nordeste=7, Centro-Oeste=5 e Sul=3). Após isolamento bacteriano, o DNA genômico dos isolados foi extraído e submetido à reação de sequenciamento total por meio de tecnologia de *long-reads* (Oxford Nanopore Technologies) e montagem do genoma (Plasmidsaurus LLC, Flye v2.9.1). A classificação taxonômica dos isolados foi determinada por meio de análise filogenética baseada no gene *dnaJ*. Para isso, as sequências de *dnaJ* dos isolados deste estudo foram alinhadas a sequências de *dnaJ* de isolados *Edwardsiella* spp. com identidade taxonômica previamente confirmada a nível de espécie. As distâncias evolutivas foram computadas pelo método de *Maximum Composite Likelihood* e a história evolutiva inferida pelo método *Neighbor-joining*, com análise de *bootstrap* com 1000 replicatas para construção da árvore filogenética. As ferramentas *Basic Local Alignment Search Tool* (genes AMR previamente descritos em *Edwardsiella* spp.) e o banco de dados *online* ResFinder (com configurações padrão de busca de genes AMR em enterobactérias – *Escherichia coli*, *Klebsiella* spp. e *Salmonella* spp.) foram utilizados para identificar, nos genomas sequenciados, genes AMR. Entre os isolados bacterianos analisados, foram identificados 20 *E. tarda*, 19 *E. anguillarum* e um *E. piscicida*. Do total de isolados, 60% (24/40) apresentaram genes AMR e 40% (16/40) não apresentaram genes AMR. Os genes *tetA* e *tetR* (resistência a tetraciclinas) estavam presentes em 57,5% dos isolados bacterianos analisados, *qnrS1* (quinolonas) em 37,5%, *floR* (florfenicol) em 25%, *blaTEM* (beta-lactâmicos) em 12,5%, *strA*, *strB* (aminoglicosídeos), *sul2* (sulfonamidas) e *tetC* (tetraciclinas) em 5% e *qnrB* (quinolonas) em 2,5%. Dois isolados da espécie *E. tarda*, dois *E. anguillarum* e um *E. piscicida* apresentaram genes AMR para pelo menos três classes diferentes de antimicrobianos. Neste estudo, verificou-se que

¹ Departamento de Medicina Veterinária Preventiva, Department of Medicine & Epidemiology, University of California-Davis, Davis, CA, USA Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, MG, Brasil

² Departamento de Medicina Veterinária Preventiva, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, MG, Brasil, fagnerfnogueira@outlook.com

³ Departamento de Medicina Veterinária Preventiva, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, MG, Brasil, jcbhrama@gmail.com

⁴ Department of Medicine & Epidemiology, University of California-Davis, Davis, CA, USA, sotomartinez@ucdavis.edu

⁵ Departamento de Medicina Veterinária Preventiva, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, MG, Brasil, figueiredoh@yahoo.com

as espécies *E. tarda*, *E. anguillarum* e *E. piscicida* circulam em tilapiculturas no Brasil, sendo as duas primeiras mais prevalentes e a última com prevalência muito baixa. Além disso, cinco isolados apresentaram genes AMR para três ou mais classes de antimicrobianos, o que caracteriza seu potencial para multirresistência fenotípica. A elevada frequência de detecção dos genes *tetA* e *tetR*, bem como de *floR*, nesse estudo são preocupantes, visto que podem refletir na resistência fenotípica desse patógeno aos antimicrobianos licenciados para uso na aquicultura no país (oxitetraciclina e florfenicol).

PALAVRAS-CHAVE: *E. anguillarum*, *E. piscicida*, *E. tarda*, Multirresistência

¹ Departamento de Medicina Veterinária Preventiva, Department of Medicine & Epidemiology, University of California-Davis, Davis, CA, USA Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, MG, Brasil, fagnerfnogueira@outlook.com
² Departamento de Medicina Veterinária Preventiva, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, MG, Brasil, fagnerfnogueira@outlook.com
³ Departamento de Medicina Veterinária Preventiva, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, MG, Brasil, jcbhrama@gmail.com
⁴ Department of Medicine & Epidemiology, University of California-Davis, Davis, CA, USA, sotomartinez@ucdavis.edu
⁵ Departamento de Medicina Veterinária Preventiva, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, MG, Brasil, figueiredoh@yahoo.com