



ANÁLISE GENÔMICA DE PLESIOMONAS SHIGELLOIDES PROVENIENTES 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

BATISTA; Mariana Silva ¹, DUARTE; Marcela Laryssa Oliveira ², ARIUTE; Juan Carlos ³, RODRIGUES; Diego Lucas Neres ⁴, PEREIRA; Ulisses ⁵, BRENIG; Bertram ⁶, AZEVEDO; Vasco ⁷, MABONI; Franciele ⁸, MATIUZZI; Mateus ⁹, ABURJAILE; Flávia Figueira ¹⁰

RESUMO

Plesiomonas fazem parte da família *Enterobacteriaceae*, sendo bactérias Gram-negativas encontradas em animais aquáticos de água doce e salgada. Possuem potencial patogênico para humanos e animais causando gastroenterite bacteriana, devido a ingestão de água contaminada, às condições de higiene e outros fatores. Portanto, em função da escassez de estudos e de poucas cepas isoladas, existem desafios na investigação do processo infeccioso. Sendo assim, o propósito da pesquisa foi empregar recursos provenientes do âmbito da bioinformática, visando à taxonomia classificatória, anotação e análise da composição genômica das sequências dos genomas de *Plesiomonas* originários do Brasil. Os quatro isolados de *Plesiomonas* foram obtidos pelo Laboratório de Bioinformática Integrativa da Escola de Veterinária da Universidade Federal de Minas Gerais, identificados como *Plesiomonas* OnGT2, OnGT5, GT4 e U71. Foram sequenciados por meio da plataforma HiSeq 2500, seguidos das etapas de montagem com o auxílio do *Unicycler* e anotação pelo Prokka. As comparações foram conduzidas com genomas de diferentes espécies de *Plesiomonas* presentes no banco de dados do *National Center for Biotechnology Information* (NCBI). Adicionalmente, empregou-se o Gipsy e o PanVita para predição de ilhas genômicas de patogenicidade e fatores de virulência, respectivamente. Além disso, por intermédio do PHASTER, realizou-se a previsão dos profagos contidos nos isolados. A conjugação dessas abordagens permitiu a aplicação das ilhas genômicas e dos profagos no BRIG, a fim de visualizar graficamente os genes compartilhados entre as novas espécies e os isolados depositados no NCBI. Além disso, foi observada uma notável semelhança entre as linhagens em relação à extensão dos genomas, valor de N50, CDS e conteúdo de GC. Dessa forma, de maneira geral, os genomas compartilharam métricas similares, o que demonstrou um bom indicativo quanto à qualidade do sequenciamento e da montagem. Adicionalmente, com análises taxogenômicas validou-se que os genomas em questão pertencem à categoria de isolados de *P. shigelloides*. No que diz respeito às ilhas genômicas e às análises dos profagos, foram identificados genes hipotéticos em regiões diversas, além de todos os isolados apresentarem pelo menos um profago. Os genes de virulência englobam, por exemplo, aqueles associados à aderência, ao sistema de secreção e à motilidade. Tais características, uma vez presentes em todos os isolados, estão fortemente relacionadas ao processo patogênico desta espécie. Desse modo, através das representações gráficas, foi possível visualizar a distribuição dos genes encontrados nas diferentes espécies, tanto aqueles exclusivos de cada uma, quanto os compartilhados. Ademais, foi possível

¹ Universidade Federal de Minas Gerais, mariana.sbatista7@gmail.com

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

³ Universidade Federal de Minas Gerais, carlosariute@hotmail.com

⁴ Universidade Federal de Minas Gerais, diego.neresr@gmail.com

⁵ Universidade Estadual de Londrina, upaduaapereira@gmail.com

⁶ Universidade Göttingen, bbrenig@gwdg.de

⁷ Universidade Federal de Minas Gerais, vascoariston@gmail.com

⁸ Universidade Federal do Rio Grande do Sul, franciele.siqueira@ufrgs.br

⁹ Universidade Federal do Vale do São Francisco, mateus.matiuzzi@gmail.com

¹⁰ Universidade Federal de Minas Gerais, faburjaile@gmail.com

constatar, dentre outras funções, a existência de genes com a capacidade de intensificar a letalidade, desorganizar ou facilitar a dispersão do sistema imunológico. Todas essas variáveis estão intrinsecamente ligadas a um processo evolutivo e adaptativo dessa espécie, o qual pode ampliar a resistência, o potencial patogênico e a viabilidade bacteriana. Por meio dessas análises, foi possível classificar os isolados como pertencentes à espécie *P. shigelloides*. A investigação de atributos previamente desconhecidos associados a esses novos genomas, bem como a expansão do entendimento acerca da constituição genômica lança luz sobre a dinâmica da relação destas bactérias com o hospedeiro.

PALAVRAS-CHAVE: bactéria, bioinformática, genômica, peixe

¹ Universidade Federal de Minas Gerais, mariana.sbatista7@gmail.com

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

³ Universidade Federal de Minas Gerais, carlosariute@hotmail.com

⁴ Universidade Federal de Minas Gerais, diego.neresr@gmail.com

⁵ Universidade Estadual de Londrina, upaduapereira@gmail.com

⁶ Universidade Göttingen, bbrenig@gwdg.de

⁷ Universidade Federal de Minas Gerais, vascoariston@gmail.com

⁸ Universidade Federal do Rio Grande do Sul, franciele.siqueira@ufrgs.br

⁹ Universidade Federal do Vale do São Francisco, mateus.matiuzzi@gmail.com

¹⁰ Universidade Federal de Minas Gerais, faburjaile@gmail.com