



IDENTIFICAÇÃO DOS GENES DE RESISTÊNCIA A ANTIMICROBIANOS E METAIS PESADOS EM *AEROMONAS JANDAEI*

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

DUARTE; Marcela Laryssa Oliveira¹, ARIUTE; Juan Carlos², RODRIGUES; Diego Lucas Neres³, BRENIG; Bertram⁴, AZEVEDO; Vasco⁵, MATIUZZI; Mateus⁶, ABURJAILE; Flávia Figueira⁷

RESUMO

Anualmente, os dados de produção aquícola apontam projeções de uma demanda cada vez maior. No entanto, a necessidade de uma grande produção também leva a desafios sanitários e econômicos, como monitoramento de patógenos bacterianos. O uso indiscriminado de antimicrobianos leva não somente a multirresistência dos microrganismos, mas também a sua ineficiência ao longo dos anos. Nesse cenário, conhecer e estudar bactérias nocivas a animais aquáticos se faz necessário para uma vigilância epidemiológica. *Aeromonas jandaei* é uma bactéria Gram-negativa que infecta peixes exóticos e nativos, como a tilápia e o tambaqui. Portanto, o objetivo do presente estudo foi analisar fatores que contribuem para a resistência a antimicrobianos e metais pesados de isolados de *A. jandaei* através de métodos de bioinformática. Inicialmente, quatro novos genomas (GT15, GTCBM29, On4M e On5M) foram sequenciados através da plataforma Hi-Seq 2500 (2 x 150 bp). Posteriormente, seus adaptadores foram removidos através do Trimmomatic e a qualidade foi verificada pelo FastQC, utilizando um PHRED score superior a 20. A montagem foi realizada através do Unicycler pelo método *de novo* e o QUAST utilizado para checar a qualidade delas (N50, L50, %GC, tamanho total). Em seguida, os genomas de *A. jandaei* disponíveis no NCBI foram obtidos e a ferramenta do BUSCO foi utilizada para a análise de completude ($\geq 90\%$). A confirmação da espécie genomas foi realizada por identidade média de nucleotídeos (ANI) usando o Pyani, considerando uma similaridade $>96\%$. A anotação estrutural e funcional foi feita através do Prokka. Para a análise de resistência, o PanViTa foi utilizado para a identificação dos fatores de resistência utilizando dados do CARD (Comprehensive Antibiotic Resistance Database; 70%) e BacMet (Antibacterial Biocide and Metal Resistance Genes Database; 60%). Cinco dos genomas públicos foram excluídos das análises, três pelas análises do Busco e dois por não serem da espécie de interesse, segundo a ANI. Os resultados do BacMet indicam 31 genes no pan-resistoma total e 19 no pan-resistoma central dos genomas analisados, sendo os mais presentes: 4 referentes zinco (*zipB*, *mntH/yfeP*, *znuC/yebM*, *znuB/yebI*) e 3 a arsênico (*arsC*, *pstB*, *glpF*). Em geral, poucos genes acessórios e exclusivos foram identificados. Para o CARD, foram detectados genes para classes de medicamentos importantes como carbapenens (Central: *OXA-12*; Acessório: *cphA7*, *cphA3*; Exclusivo: *mexB*) e cefalosporinas (Central: *OXA-12*; Acessório: *FOX-2*, *AQU-2*, *AQU-1*; Exclusivo: *mexB*, *FOX-15*, *AQU-3*). Além do pan-resistoma central, nos novos genomas foram encontrados os genes acessórios *cphA7* e *FOX-2* (em GT15, On4M, On5M) e *AQU-2* (em

¹ Universidade Federal de Minas Gerais, mduartemd@gmail.com

² Universidade Federal de Minas Gerais, carlosariute@hotmail.com

³ Universidade Federal de Minas Gerais, diego.neresr@gmail.com

⁴ University of Göttingen, bbrenig@gwdg.de

⁵ Universidade Federal de Minas Gerais, vascoariston@gmail.com

⁶ Universidade Federal do Vale do São Francisco, mateus.matiuzzi@gmail.com

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

GTCBM29). Além disso, três dos genomas públicos de isolados que infectavam peixes, também apresentaram genes exclusivos à tetraciclina (*tet(A)*, *tet(E)* e *mexB*). Esses dados sugerem que tratamentos com essas substâncias podem não ser eficazes, mesmo sendo antibióticos de amplo espectro, como no caso da tetraciclina, que tem seu uso autorizado no país na aquicultura. Além de mais análises sobre os genes de resistência, os próximos passos devem também ser os estudos dos fatores de virulência deste patógeno.

PALAVRAS-CHAVE: bactérias, bioinformática, genômica, aquicultura

¹ Universidade Federal de Minas Gerais, mduartemd@gmail.com

² Universidade Federal de Minas Gerais, carlosariute@hotmail.com

³ Universidade Federal de Minas Gerais, diego.neresr@gmail.com

⁴ University of Göttingen, bbrenig@gwdg.de

⁵ Universidade Federal de Minas Gerais, vascoariston@gmail.com

⁶ Universidade Federal do Vale do São Francisco, mateus.matiuzzi@gmail.com

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