

AEROMONAS VERONII ISOLADA DE TAMBAQUI (COLOSSOMA MACROPOMUM), SEQUENCIAMENTO DE GENES ESTRUTURAIS E CARACTERÍSTICAS FENOTÍPICAS ASSOCIADAS À VIRULÊNCIA.

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

FERREIRA; Daniel de Abreu Reis¹, JACOB; Débora², VANEI-SILVA; Daiane³, ASSANE; Inácio Mateus⁴, SOUSA; Elielma Lima Sousa⁵, PILARSKI; Fabiana⁶

RESUMO

A Aeromonose, causada por bactérias do gênero *Aeromonas* spp, comumente presentes no ambiente aquático é causa de mortalidade de peixes, répteis, aves e mamíferos em todo o mundo, além de terem importância na saúde pública, pois são responsáveis por causar gastroenterite e necrose tecidual em humanos imunossuprimidos. Dentre o grupo das *Aeromonas* móveis, a *Aeromonas veronii* vem se destacando por causar expressiva morbidade e mortalidade em peixes de várias espécies no Brasil. Desta forma, este estudo identificou a *Aeromonas veronii* como agente causador de surto com mortalidade em massa, de tambaquis. A cepa AvCm1-22 foi isolada do baço, rim, fígado e cérebro dos animais analisados (n=16). O isolamento bacteriano foi realizado em meio BHI e a confirmação da pureza das colônias foi aferida pela técnica de GRAM. A cepa foi armazenada a -80°C para as análises posteriores (20-30% v/v glicerol). Os genes 16S rRNA, *rpoB* e *gyrB* foram amplificados com kit *Platinum II Taq Hot Start* (Invitrogen) e os amplicons enviados para sequenciamento do tipo *paired end*, pelo método de Sanger. Após obtenção dos cromatogramas, limpeza manual e de qualidade, as sequências da fita senso e antisenso foram lidas para gerar sequência consenso de 980, 537 e 553pb dos genes supracitados, e depositados no NCBI. Foram realizado ensaio de proteólise e hemólise a 18, 28 e 35°C utilizando-se os meios Skinmed Milk Agar e BHI Agar 5% de sangue de carneiro e as placas incubadas por 24 horas. Como resultado, nas placas incubadas a 28 e 35° C foi identificada beta hemólise. A ação proteolítica foi positiva em todas as temperaturas testadas, a qual foi comprovada pela observação de halo envolta das colônias no meio Skinmed Milk. Análise de sequenciamento multilocus revelou similaridade das sequências analisadas com linhagens isoladas de infecções em humanos (fezes, sangue) peixes, efluentes hospitalares e trato digestório de sanguessugas na China, Índia, México, Coreia do Sul, Turquia, Tailândia e Japão. Este foi o primeiro isolamento de *A. veronii* associada à alta mortalidade em tambaqui e a disponibilização de informações genéticas da cepa identificada, o que poderá auxiliar no planejamento e monitoramento da dispersão de patógenos nos sistemas de criação animal. Além de ressaltar a importância do monitoramento dos efluentes gerados no país, especialmente hospitalares e como este pode afetar a sustentabilidade da aquicultura.

PALAVRAS-CHAVE: *Aeromonas veronii*, tambaqui, virulência

¹ Programa de Pós Graduação em Microbiologia Agropecuária, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias FCAV/Unesp, daniel.reis@unesp.br

² Programa de Pós Graduação em Aquicultura, Centro de Aquicultura da Unesp CAUNESP, debjacob@hotmail.com

³ Programa de Pós Graduação em Aquicultura, Centro de Aquicultura da Unesp CAUNESP, daiane.vaneci@unesp.br

⁴ Programa de Pós Graduação em Aquicultura, Centro de Aquicultura da Unesp CAUNESP e Universidade Zambeze, inacio.m.assane@unesp.br

⁵ Programa de Pós Graduação em Microbiologia Agropecuária, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias FCAV/Unesp, el.sousa@unesp.br

⁶ Centro de Aquicultura da Unesp CAUNESP/FCAV, fabiana.pilarski@unesp.br