

# ANÁLISE DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE FLAVOBACTERIUM OREOCHROMIS EM TAMBAQUIS (COLOSSOMA MACROPOMUM) DO BRASIL

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

NOGUEIRA; Luiz Fagner Ferreira<sup>1</sup>, CARDOSO; Elcimara Pereira<sup>2</sup>, BOTINELLY; Taísa Freitas<sup>3</sup>, CARNEIRO; Sarah Portes<sup>4</sup>, GALLANI; Sílvia Umeda<sup>5</sup>, FIGUEIREDO; Henrique César Pereira<sup>6</sup>, TAVARES; Guilherme Campos<sup>7</sup>

## RESUMO

O Tambaqui, uma espécie nativa de peixe no Brasil, desempenha um papel crucial tanto em termos econômicos quanto ecológicos. Contudo, a presença do patógeno *Flavobacterium oreochromis* em tambaquis tem suscitado preocupações em relação à saúde desses peixes e à viabilidade da indústria aquícola. Nesse contexto, explorar a diversidade genética do *F. oreochromis* isoladas de tambaquis é de fundamental importância para a saúde contínua desses animais. Este estudo envolveu a análise de 25 isolados de tambaqui, coletados em três estados do Brasil (AM, SP e RO). A diversidade genética entre esses isolados foi investigada utilizando duas técnicas de tipagem molecular: RAPD e BOX-PCR. No método RAPD, foram observados seis grupos genéticos distintos, indicando uma notável variabilidade genética entre os isolados. Ao aplicar o método BOX-PCR, os resultados foram corroborados, revelando dois grupos genéticos consistentes com os achados do RAPD. A diversidade genética foi avaliada usando o índice de diversidade de Simpson. No caso do RAPD, o índice foi aproximadamente 0.512, que indica uma diversidade moderada entre os grupos genéticos identificados. Por outro lado, no BOX-PCR, o índice foi cerca de 0.211, sugerindo uma dominância mais acentuada de um dos grupos sobre o outro. Esses resultados indicam que, apesar de não ter uma relação geográfica evidente com os agrupamentos, as análises revelam diferentes níveis de diversidade genética entre os isolados de *F. oreochromis*. A distribuição equilibrada no RAPD e a dominância no BOX-PCR oferecem insights sobre as características genéticas desses grupos e suas implicações epidemiológicas. Este estudo sublinha a necessidade de aprofundar as pesquisas para entender a ligação entre os grupos genéticos e as características clínicas das infecções por *F. oreochromis*. Dessa forma, a análise da diversidade genética de *F. oreochromis* isoladas de tambaquis em diferentes estados brasileiros, revelou a existência de grupos genéticos distintos, cuja formação foi avaliada com base no dendrograma de 90% de similaridade utilizando o coeficiente QF-100 de DICE. Esses grupos podem desempenhar um papel crucial nas variações observadas nas infecções, destacando a necessidade de investigações mais aprofundadas sobre os padrões de infecções epidemiológica por *F. oreochromis* em tambaquis, com a incorporação de dados epidemiológicos e ambientais podem elucidar sobre os fatores que contribuem para a disseminação do patógeno. Esses insights, por sua vez, podem informar estratégias mais eficazes de manejo e prevenção, que permanece como um campo promissor para pesquisas futuras e medidas preventivas da columariose em tambaqui.

**PALAVRAS-CHAVE:** Bacterioses, Columariose, Peixe nativo, Tipagem molecular

<sup>1</sup> Universidade Federal de Minas Gerais, fagnerfnogueira@outlook.com

<sup>2</sup> Universidade Nilton Lins, elcimaracardoso94@gmail.com

<sup>3</sup> Universidade Nilton Lins, taisabotinelly@gmail.com

<sup>4</sup> Universidade Federal de Minas Gerais, sarahportesvet@gmail.com

<sup>5</sup> Universidade Nilton Lins, silviaugallani@gmail.com

<sup>6</sup> Universidade Federal de Minas Gerais, figueiredoh@yahoo.com

<sup>7</sup> Universidade Federal de Minas Gerais, gcamposvet@hotmail.com