

# VI CONGRESSO

## SOCIEDADE PORTUGUESA DE CIÊNCIAS VETERINÁRIAS



## CIÊNCIAS VETERINÁRIAS: PRAXIS E FUTURO

3 a 5 de abril de 2014  
INIAV, Oeiras

LIVRO DE RESUMOS

SOCIEDADE PORTUGUESA DE CIÊNCIAS VETERINÁRIAS

**CONGRESSO CIÊNCIAS VETERINÁRIAS 2014**

**LIVRO DE RESUMOS**

VETERINARY SCIENCES CONGRESS 2014

ABSTRACT BOOK

INIAV, Quinta do Marquês, Oeiras

3, 4 e 5 de abril de 2014

**Edição e composição:** Sociedade Portuguesa de Ciências Veterinárias  
**ISBN: 978-989-20-4577-1**

## Fatores de virulência em *Aeromonas hydrophila* causadora de septicémia em leitões

Saavedra M. J.<sup>1</sup>, Dias C.<sup>1</sup>, Amaral A.S.P.<sup>2</sup>, Branco S.M.<sup>2</sup>, Queiroga M.C.<sup>2</sup>

1 Departamento de Ciências Veterinárias e Centro de Ciência Animal e Veterinária (CECAV), Universidade de Trás-os-Montes e Alto Douro, Vila Real, Portugal

2 Departamento de Medicina Veterinária e Instituto de Ciências Agrárias e Ambientais Mediterrânicas (ICAAM), Universidade de Évora. Apartado 94, 7002-554 Évora, Portugal

O interesse crescente pelas espécies do género *Aeromonas* tem originado um grande número de estudos sobre a sua complexa taxonomia a fim de identificar novas espécies e definir grupos patogénicos para o ser humano, assim como estabelecer os fatores de virulência destes microrganismos potencialmente envolvidos no desenvolvimento de síndromes clínicas. As espécies de *Aeromonas* possuem determinantes de virulência, semelhantes aos fatores de virulência conhecidos em patogénicos humanos, que têm um papel importante na disseminação de doença associado a estes organismos. Esses fatores de virulência podem ter relevância no poder patogénico desta bactéria para outras espécies animais.

Foi realizado um estudo na Universidade de Évora para determinar doenças de porcos da raça Alentejana com exame anatomopatológico e bacteriológico de leitões. A necrópsia revelou lesões típicas de septicémia, tendo sido isolada, dos vários órgãos, em cultura pura, *Aeromonas hydrophila*.

Este trabalho visa contribuir para determinar o perfil de susceptibilidade a diferentes antibióticos (ampicilina, gentamicina, penicilina G, oxitetraciclina, lincomicina, neomicina, estreptomicina, enrofloxacina, sulfato de colistina, trimetoprim, sulfamida, tultatromicina, ceftiofur, amoxicilina/ácido clavulânico), conhecer os determinantes genéticos associados à resistência aos antibióticos aminoglicosídeos, através da pesquisa dos genes que codificam acetiltransferases (AAC), fosfotransferases (APH) e nucleotildiltransferases (ANT) por estudos de PCR, e estudar os fatores de virulência (atividade lipolítica e proteolítica; aerolisina e toxinas relacionadas; genes relacionados com T3SS).

Obtiveram-se duas estirpes distintas que foram identificadas ao nível da espécie por análise filogenética baseada no gene gyrB. O perfil de susceptibilidade aos antibióticos mostrou que o isolado de uma das explorações foi sensível à gentamicina, oxitetraciclina, neomicina, enrofloxacina, sulfato de colistina, trimetoprim, ceftiofur, amoxicilina e ácido clavulânico. Em contraste, o isolado de *A. hydrophila* obtido de outra exploração foi resistente a todos os antibióticos testados, com exceção da enrofloxacina. Uma estirpe de *Aeromonas hydrophila* continha as enzimas APH (6)-I e ANT (6)-I. Não se detetou a presença de enzimas AAC em qualquer isolado. Todas as estirpes apresentaram atividade proteolítica e lipolítica assim com a presença dos determinantes genéticos de fatores de virulência pesquisados.

### [Virulence factors of piglets septicemia causing *Aeromonas hydrophila*]

The growing interest in species of the genus *Aeromonas* has originated a large number of studies on its complex taxonomy to identify new species and define pathogenic groups for humans, as well as establishing the virulence factors of these microorganisms potentially involved in the development of clinic syndromes. *Aeromonas* species produce several virulence determinants similar to known virulence factors in recognized human pathogens, which appear to play important roles in the wide spectrum of diseases associated to these organisms. These virulence factors may be relevant for the pathogenic power of *Aeromonas* towards other animal species.

In the context of a study made at the University of Évora to assess the specific diseases of Alentejano swine, diseased piglets from two farms were submitted for pathological and bacteriological examinations. Pathological examinations revealed changes characteristic of septicemia, and *Aeromonas hydrophila* was isolated in pure culture from multiple organs of piglets from both farms.

This work aims to contribute to determine the resistance profile to different antibiotics (ampicillin, gentamicin, penicillin G, oxytetracycline, lincomycin, neomycin, streptomycin, enrofloxacin, colistin sulfate, trimethoprim, sulfamide, tulathromycin, ceftiofur, amoxicillin/clavulanic acid), to assess genetic determinants associated to aminoglycoside antibiotics resistance, namely the presence of genes encoding acetyltransferases (AAC), phosphotransferases (APH) and nucleotildiltransferases (ANT), determined by PCR studies, and to search for potentially pathogenic features as the production of extracellular lipases and proteases and the presence of genes encoding for putative virulence factors as aerolysin and related toxins, lipase proteins and type III secretion system component.

Two distinct strains were obtained that were identified to the species level based on gyrB gene phylogenetic analysis. The antibiotic susceptibility profile showed that the *A. hydrophila* isolate from one of the farms was sensitive to gentamicin, oxytetracycline, neomycin, enrofloxacin, colistin sulfate, trimethoprim, ceftiofur, amoxicillin plus clavulanic acid. In contrast, the isolated *A. hydrophila* in the other farm was resistant to all antibiotics tested except enrofloxacin. One strain of *Aeromonas hydrophila* harbored APH(6)-I and ANT(6)-I enzyme. There was no evidence for the presence of AAC enzyme in any isolate. All strains displayed proteolytic and lipolytic activity as well as the other potentially pathogenic features evaluated.