

Julia lenes Lima<sup>1</sup>, Fabiana Horn<sup>1</sup>  
Departamento de Biofísica – Instituto de Biociências -  
Universidade Federal do Rio Grande do Sul<sup>1</sup>

## INTRODUÇÃO

*Escherichia coli* patogênicas aviárias (APEC) causam infecções extraintestinais, denominadas colibacilose, em aves domésticas e selvagens. Estudos têm demonstrado a contribuição do Sistema de Secreção do Tipo 6 (T6SS) na virulência de APEC. O T6SS apresenta um operon constituído por 15 a 20 genes, e a partir da análise de genomas bacterianos, foi identificado um grupo de 13 proteínas conservadas que constitui o núcleo do T6SS, e um conjunto de proteínas não conservadas, que são responsáveis por funções regulatórias e acessórias. Em trabalho anterior realizado no laboratório, foi triada a presença de quatro genes do T6SS (*icmF*, *dotU*, *clpV* e *vgrG*) em aproximadamente 190 isolados de APEC (de Oliveira et al., 2015, Dissertação de mestrado, UFRGS).

## OBJETIVOS

Analisar a presença desses mesmos quatro genes do T6SS em 107 isolados não-patogênicos de *E. coli* obtidos da cama de aviários.

## MATERIAL E MÉTODOS

Isolados de *E. coli* aviária foram obtidos no período de novembro de 2011 a abril de 2012 de cama de aviários de 107 bandos de frangos que variaram de 4 a 43 dias de idade, em granjas localizadas nas regiões Norte e Centro-Leste do Rio Grande do Sul. Com exceção de dois, os isolados mostraram-se avirulentos em testes *in vivo* em pintos de um dia de idade (de Oliveira et al, 2015, Foodborne Pathog. Dis. 12:679). O DNA bacteriano foi extraído e submetido a PCR triplex para verificação da presença dos genes *dotU*, *clpV* e *vgrG*, e uma PCR separada para a verificação do *icmF*. Foram utilizados dois pares de iniciadores para cada gene, pois esses genes podem estar presentes em duas, ou mais, cópias diferentes do genoma.

## RESULTADOS

Até o momento, foi realizada a Reação em Cadeia da Polimerase em duplicata em 54 isolados para os genes *dotU*, *clpV* e *vgrG*, e em 63 isolados para o gene *icmF* individualmente.

Porém, para uma melhor compreensão dos dados, apenas os isolados que já tinham os 4 genes confirmados foram utilizados para a construção dos gráficos ( $n = 46$ )

### Presença dos genes nos isolados

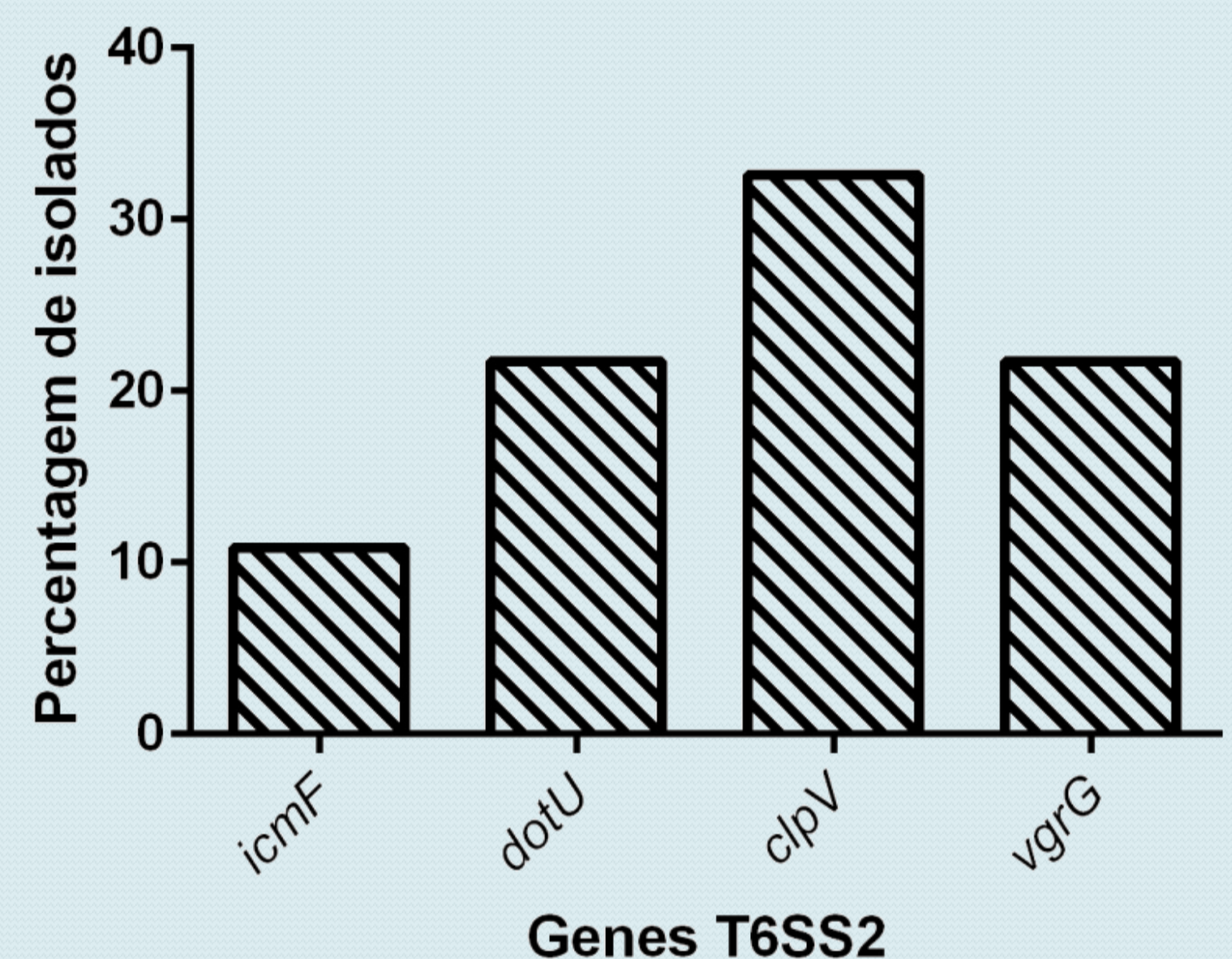


Figura 1. Percentagem de isolados ( $n = 46$ ) que contém a presença dos genes *icmF*, *dotU*, *clpV* e *vgrG* para uma cópia dos genes.

### Isolados quanto ao grupo ECOR

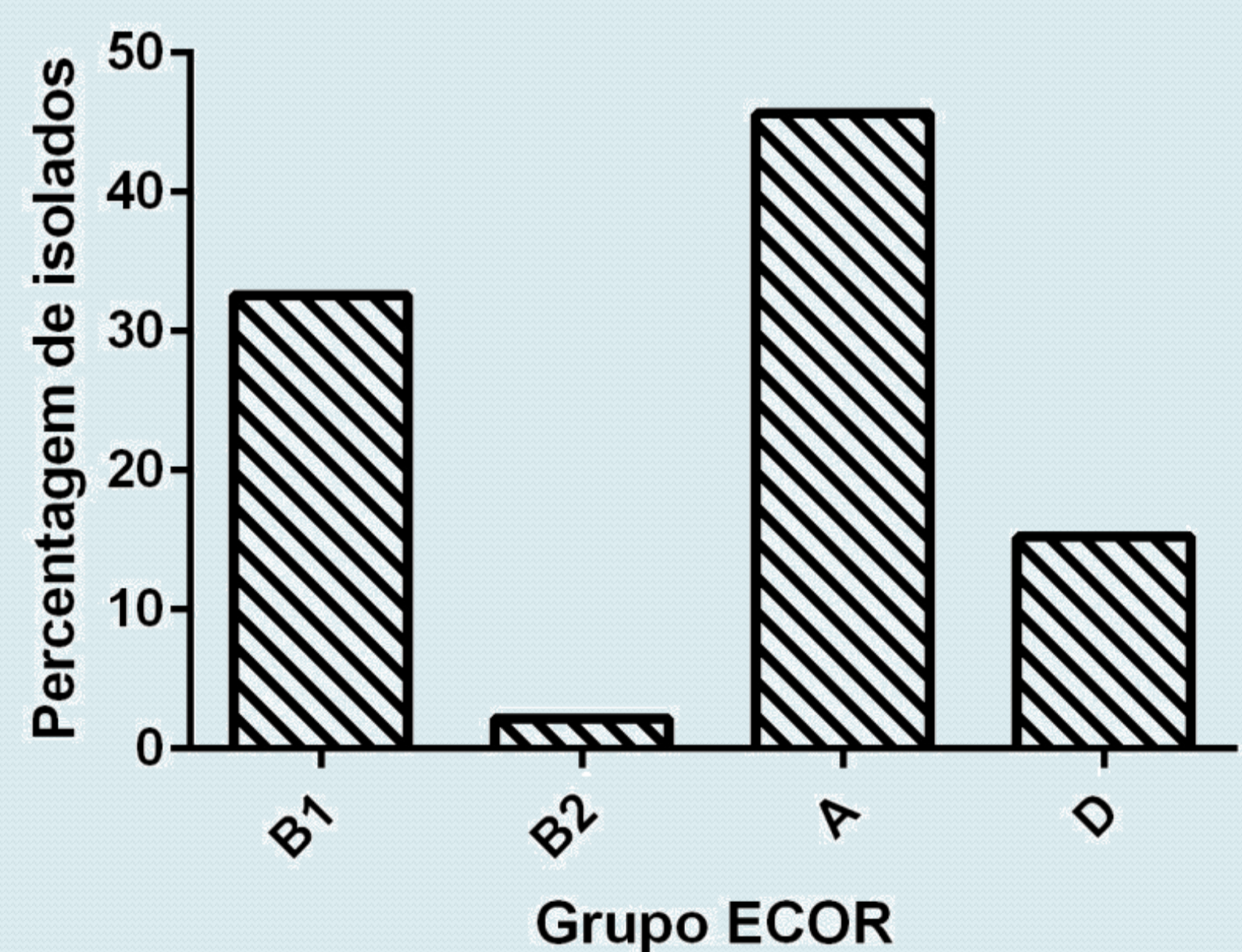


Figura 2. Percentagem dos isolados ( $n = 46$ ), que pertencem ao grupo B1, B2, A e D.

## DISCUSSÃO

Após concluirmos a verificação da presença dos genes do T6SS, faremos uma análise estatística para verificar se a presença dos genes do T6SS está associada à virulência em isolados aviários de *E. coli*.