



|                   |  |
|-------------------|--|
| <b>Evento</b>     | Salão UFRGS 2019: FEIRA DE INOVAÇÃO TECNOLÓGICA DA UFRGS - FINOVA        |
| <b>Ano</b>        | 2019   |
| <b>Local</b>      | Campus do Vale - UFRGS   |
| <b>Título</b>     | Caracterização filogenética de Escherichia coli endometriais patogênicas |
| <b>Autor</b>      | ANA CAROLINE VELASQUES FONSECA   |
| <b>Orientador</b> | FRANCIELE MABONI SIQUEIRA  |

## **TÍTULO DO PROJETO: Caracterização filogenética de *Escherichia coli* endometriais patogênicas**

Aluno: Ana Caroline Velasques Fonseca

Orientador: Prof<sup>a</sup>. Franciele Maboni Siqueira

A piometra é uma inflamação do útero com acumulação de exsudatos que acomete fêmeas não castradas. *Escherichia coli* é a bactéria predominantemente relacionada a quadros de piometra. As cepas que invadem o endométrico causando a infecção são classificadas como patotipo *E. coli* EnPEC (endometriais patogênicas). Os fatores envolvidos na patogenicidade e virulência deste patotipo são pouco conhecidos. Dessa forma, tendo em vista a importância da piometra nos animais, por ser uma doença com notável causa de óbito, e, ao mesmo tempo, a escassez de estudos deste patotipo bacteriano, foi delineado o presente estudo que busca analisar o perfil filogenético dos isolados de EnPEC, buscando conhecer o grau de similaridade genética entre eles. Isolados de *E. coli* anteriormente obtidos de casos de piometra animal foram recuperados, conformados com testes bioquímicos, e então o DNA genômico total dos isolados foi extraído através de termo extração. Os DNAs extraídos foram empregados como molde na técnica de reação em cadeia da polimerase (PCR), tendo como alvo o gene conservado *gyrB*. O gene *gyrB* é empregado para análises similaridade genética, trazendo comumente, resultados muito confiáveis. Os *primers* utilizados foram construídos a partir do gene *gyrB* presente no isolado de *E. coli* sequenciado pelo nosso grupo, EnPEC\_LBV005/17. O método de amplificação usado consistiu de um passo de denaturação inicial do DNA a 94°C por 5 min, seguindo 35 ciclos de 94°C por 35 seg, 64°C por 35 seg e 72°C por 40 seg e, por fim 72°C por 10 min. O gene completo amplificado foi purificado através de um kit comercial (Invitrogen). A quantificação será realizada por fluorometria e, posteriormente os amplicons serão encaminhados para sequenciamento pelo método de Sanger. As sequências obtidas serão analisadas quanto a qualidade e empregadas nas análises filogenéticas. Até o momento, foram realizadas amplificações de 41 isolados, as quais encontram-se armazenadas a -20°C para posteriormente serem sequenciadas. Em três isolados, já foi realizado o sequenciamento, o qual se mostrou de boa qualidade, sendo que, portanto, agora iremos preparar em enviar os amplicons restantes. Como resultado, o estudo irá obter a caracterização do gene *gyrB* das cepas EnPEC circulantes. E, desse modo, através de análises, ressaltar possíveis relações filogenéticas do patotipo para posteriormente serem levados em conta estas informações no desenvolvimento e implementação em métodos de diagnóstico, entendimento da patogenicidade, e, dessa forma, possíveis meios alternativos para um melhor tratamento da infecção.