



Evento	Salão UFRGS 2018: SIC - XXX SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2018
Local	Campus do Vale - UFRGS
Título	Classificação de Escherichia coli patogênica para aves (APEC) em sete grupos filogenéticos e relação com patogenicidade in vivo
Autor	MARINA PEREIRA CONDOTTA
Orientador	CARLOS TADEU PIPPI SALLE

Classificação de *Escherichia coli* patogênica para as aves (APEC) em sete grupos filogenéticos e relação com a patogenicidade *in vivo*

Autor: Marina Pereira Condotta

Orientador: Prof. Carlos Tadeu Pippi Salle

Instituição de origem: Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS)

A patogenia das cepas extra intestinais de *Escherichia coli* não é totalmente compreendida, devido à heterogeneidade observada entre os isolados e a dificuldade em se distinguir cepas patogênicos e não patogênicos de *E. coli*. Por exemplo, genes de virulência de cepas originárias de animais ou seres humanos sintomáticos também são identificados em cepas comensais. Contudo, através da análise da estrutura genética, os isolados de *E. coli* podem ser classificados em grupos filogenéticos que mantêm uma relação com a origem de isolamento e a habilidade em causar doença. Desta forma, o objetivo deste trabalho foi classificar cepas de *Escherichia coli* patogênica para as aves (APEC) isoladas de lesões de celulite, do trato respiratório e da cama aviária em grupos filogenéticos e relacionar com a patogenicidade *in vivo*. Foram selecionadas 369 cepas APEC previamente isoladas entre 2002 e 2008. As cepas se encontravam armazenadas em caldo BHI (Infusão Cérebro e Coração) com glicerol a -80°C. Após reativação em BHI, o DNA das cepas foi extraído através de tratamento térmico a partir da seleção de colônias isoladas em ágar EMB. Os *primers* e o protocolo das reações de multiplex-PCR foram selecionados de trabalhos anteriores. A eletroforese dos produtos amplificados foi desenvolvida em gel de agarose a 1,5%. As imagens foram obtidas digitalmente por um sistema de captação e posteriormente interpretadas. As cepas foram classificadas em sete grupos filogenéticos (A, B1, B2, C, D e F) a partir da presença e/ou ausência dos genes *arpA*, *yjaA*, *chuA*, *TspE4.C2*. Posteriormente, os grupos obtidos para as cepas APEC foram associados com índices de patogenicidade (IP) apresentados em uma escala de 0 a 10 e resultantes da inoculação experimental realizada em pintos em estudo anterior. O protocolo de multiplex-PCR foi capaz de classificar 100% das cepas APEC em um dos sete grupos filogenéticos, sendo a maioria classificada nos grupos B1 (28,46%) e A (17,34%), considerados apatogênicos para as aves. Comparando-se a distribuição dos grupos filogenéticos com o IP, constatou-se que as amostras pertencentes aos grupos B2 e E apresentaram IP significativamente maior em relação às amostras classificadas nos demais grupos. Os resultados no estudo ratificam o multiplex-PCR como uma alternativa para a classificação filogenética de *Escherichia coli* e para associação com a patogenicidade dos isolados de origem aviária.