

XIII



**SIMPÓSIO BRASILEIRO DE
MICROBIOLOGIA
APLICADA**

ANAIS

PORTO ALEGRE, 25 A 27 DE MARÇO DE 2021

XIII



**SIMPÓSIO BRASILEIRO DE
MICROBIOLOGIA
APLICADA**

Editado por

Andreza Francisco Martins

Amanda de Souza da Motta

Patricia Valente da Silva

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL
PORTO ALEGRE, 25 A 27 DE MARÇO DE 2021**

Anais

XIII

**Simpósio Brasileiro de
Microbiologia Aplicada**

25 a 27 de março de 2021, Porto Alegre, Brasil

ISSN 2237-1672

Porto Alegre, Brasil

Universidade Federal do Rio Grande do Sul

2021

TIPAGEM MOLECULAR DE *Escherichia coli* ATRAVÉS DA TÉCNICA CHTyper

Gabriela Simões de Oliveira¹, Silvia Adriana Mayer Lentz¹, Andreza Francisco Martins¹

(gabriellasimoes8@gmail.com)

1 – Programa de Pós-Graduação em Microbiologia Agrícola e do Ambiente (PPGMAA) da Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS); Laboratório de Microbiologia Aplicada da Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS).

A *Escherichia coli* é uma bactéria encontrada na microbiota normal de animais e seres humanos, e amplamente distribuída no meio ambiente. Devido a sua importância como biomarcador, a avaliação da disseminação clonal se faz necessária. Dentre as técnicas mais amplamente utilizadas para avaliar a disseminação de diferentes clones, destaca-se o MLST, uma técnica custosa e trabalhosa. Deste modo, o CHTyper tem sido descrito como uma técnica robusta e com elevado poder discriminatório, além de ser mais barata e menos trabalhosa. Assim, o presente estudo se propôs a avaliar a disseminação de clones de *Escherichia coli* no ambiente da suinocultura a partir da técnica CHTyper. Foram utilizadas no total treze amostras de isolados de *Escherichia coli* provenientes de granjas localizadas no estado do Rio Grande do Sul – RS, sendo dez isolados de swab retal de suínos e três isolados do ambiente produtivo. Após cultivo e extração do DNA de cada isolado, os genes *fumC* e *fimH* foram pesquisados através da técnica de Reação em Cadeia da Polimerase (PCR). Os produtos de PCR foram purificados pela enzima ExoSAP-IT (Thermo Fisher Scientific) e posteriormente sequenciados por Sanger pela plataforma AB3500. Os resultados foram avaliados a partir dos softwares Bioedit 7.2 e Geneious Prime 20.0 e as sequências obtidas foram submetidas no banco de dados CHTyper 1.0 (<https://cge.cbs.dtu.dk/services/chtyper/>) para determinação dos CHs. A análise filogenética foi realizada no software MEGA X 10.2.4. Foram encontrados oito tipos de CHs diferentes, sendo três mais prevalentes, o CH29-38 e o CH41-158, com três isolados cada, e o CH11-27, com dois isolados. Os outros CHs encontrados foram CH11-54, CH4-366, CH41-27, CH54-1080 e CH41-86, com um isolado cada. O clone CH29-38 ocorreu apenas entre os isolados de suínos, enquanto os clones CH41-158 e CH11-27 foram relacionados com isolados de suínos e o ambiente produtivo, evidenciando a disseminação de clones entre animais e o ambiente. Apesar de ainda pouco descrito na literatura, o CHTyper vem apresentando uma excelente correlação com os resultados obtidos pelo MLST. Assim, considera-se que o CHTyper é uma ferramenta muito promissora para tipagem molecular de *Escherichia coli*, representando uma alternativa mais vantajosa.

Palavras-chave: *Escherichia coli*; suinocultura; clones; CHTyper.

Agência de fomento: CNPq