

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

ANÁLISE MOLECULAR DE ISOLADOS DE APEC DE UMA EPIDEMIA NO RIO GRANDE DO SUL

Tanise Maria Fiorin¹, Fabiana Horn², Helton Fernandes dos Santos³, Leticia Beatriz Matter⁴

(tanise.fiorin@gmail.com)

- 1 – Universidade Regional Integrada do Alto Uruguai e das Missões – Campus Santo Ângelo.
- 2 – Instituto de Biofísica da Universidade Federal do Rio Grande do Sul – UFRGS.
- 3 – Laboratório Central de Diagnóstico de Patologias Aviárias, UFSM.
- 4 – Centro de Pesquisas em Biologia Molecular e Funcional/PUCRS.

Escherichia coli é um bacilo Gram-negativo presente na microbiota de indivíduos endotérmicos. Entretanto, esta bactéria pode ser responsável por infecções no ambiente intra e extra intestinal, as chamadas InPEC (Intestinal pathogenic *E. coli*) e as ExPEC (*E. coli* patogênica extraintestinal), este último grupo subdivide-se em APEC (Avian pathogenic *E. coli*), UPEC (Uropathogenic *E. coli*) e NMEC (New born *E. coli*). APEC são responsáveis por colibacilose em aves, causando grandes prejuízos para avicultores de todo o mundo. Neste estudo caracterizou-se molecularmente 4 isolados de APEC oriundos de uma epidemia que ocorreu no Rio Grande do Sul em 2019, em relação a 29 fatores de virulência: *fimH*, *hrlA/hek*, *iha*, *papC*, *sfafocCD*, *tsh*, *mat*, *tia*, *gimB*, *ibeA*, *chuA*, *fyuA*, *ireA*, *iroN*, *irp2*, *iucD*, *sitD*. *chr.*, *sitD*. *ep.*, *lss*, *neuC*, *ompA*, *traT*, *astA*, *hlyA*, *sat*, *Vat*, *Pic*, *malX*, *cvil/cva*. Os isolados foram obtidos da articulação (AG1) e do coração (CG1) de uma ave e do fígado (FG2) e do coração (CG2) de outra ave. A classificação segundo Clermont (2000) agrupou os isolados AG1, CG1 e CG2 no subgrupo filogenético A, enquanto, o isolado FG2 no subgrupo filogenético B1. Dos fatores de virulência, encontrou-se adesinas (genes *CrIA* e *fimC*) e a resistência ao soro (genes *KpsMTII* e *OmpA*). As adesinas são formadas por estruturas que apresentam afinidade por receptores das células do hospedeiro e, em sua maioria, tais estruturas são formadas por fímbrias, auxiliando a bactéria a fixar-se ao hospedeiro. A resistência ao soro é um fator de virulência comumente presente em APEC, em que atua como adesina e invasina, sendo resistente a processos como a lise e a opsonização, do mesmo modo que auxilia na formação de biofilmes. As amostras de coração de ambas as aves apresentaram expressão do gene *neuC* (relacionado a resistência ao soro) e apenas a amostra de articulação expressou o gene *EAST-1*. Os testes de aglutinação realizados ressaltam a presença do gene *fimC* de todas as amostras de APEC. Tais resultados demonstram contraste, tendo em vista que a grande maioria das cepas de *E. coli* patogênicas fazem parte do agrupamento filogenético do tipo B2, assim como, pode haver infecções com mais de uma cepa diferente em uma mesma ave.

Palavras-chave: *Escherichia coli*; Genética; Infecção.

Agência de fomento: Universidade Regional Integrada do Alto Uruguai e das Missões – Campus Santo Ângelo; Universidade Federal de Santa Maria – UFSM; Universidade Federal do Rio Grande do Sul – UFRGS.