



<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2020: SIC - XXXII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2020
<b>Local</b>	Virtual
<b>Título</b>	Caracterização filogenética de omp25 em Brucella canis
<b>Autor</b>	CASSIANE ELISABETE LOPES
<b>Orientador</b>	FRANCIELE MABONI SIQUEIRA

## Caracterização filogenética de *omp25* em *Brucella canis*

Lopes, C.E. & Siqueira, F. M.

*Brucella canis* é uma bactéria responsável por problemas reprodutivos em cães, além de ser potencialmente zoonótica. No âmbito de identificar características antigênicas e virulentas do agente, a proteína Omp25 tem sido largamente investigada. O objetivo desse estudo foi realizar a análise filogenética de sequências do gene *omp25* de isolados de *B. canis*. Vinte isolados previamente recuperados de cães foram incluídos nesse estudo. A extração de DNA genômico foi realizada por lise e a amplificação do gene *omp25* utilizando-se *primers* específicos. O fragmento de PCR foi purificado e sequenciado pelo método de Sanger. Todas as sequências de *omp25* de *B. canis* disponíveis no GenBank (38 sequências de 17 países e 2 sequências de genomas referência – em 31/03/2020) foram incluídas na análise. O alinhamento das 60 sequências foi realizado e a árvore filogenética construída utilizando o modelo F81+F. Através da análise filogenética, foi possível observar o agrupamento de *omp25* em dois clados: I e II. Investigando as sequências, uma única mutação na posição 326 pb (substituição de timina por citosina) foi identificada no clado II. Essa mutação é responsável pela substituição do aminoácido Leucina por Prolina no códon 109 da proteína Omp25. O clado I possui sequências da América Latina (juntamente às 20 sequências desse estudo), América do Norte, Europa e Ásia. No clado II agruparam sequências da África, Ásia, Europa e América do Norte. Os resultados gerados através da construção filogenética reforçam a grande conservação genética das espécies do gênero *Brucella*. Novas investigações estão sendo realizadas por nosso grupo de pesquisa a fim de identificar alterações estruturais de Omp25 relacionadas à mutação observada nesse estudo.