



Evento	Salão UFRGS 2022: FEIRA DE INOVAÇÃO TECNOLÓGICA DA UFRGS - FINOVA
Ano	2022
Local	Campus Centro - UFRGS
Título	Caracterização pangenômica e filogenética de isolados de <i>Brucella canis</i>
Autores	CAMILA AZEVEDO MONI SILVIA DE CARLI CASSIANE ELISABETE LOPES
Orientador	FRANCIELE MABONI SIQUEIRA

Caracterização pangenômica e filogenética de isolados de *Brucella canis*

Aluno: Camila Azevedo Moni

Orientadora: Prof^a Franciele Maboni Siqueira

Brucella canis, causador da brucelose, é considerada uma bactéria cosmopolita de incidência mundial, sendo listada pela Organização Mundial da Saúde Animal (WOAH) como uma das zoonoses negligenciadas na atualidade. Tem seu hospedeiro preferencial o cão, apresentando sinais como abortos e infertilidade. Apesar dos prejuízos, tanto financeiros quanto de saúde pública, atualmente, não há tratamento para brucelose em cães e existe uma escassez de informações genômicas e filogenéticas sobre a *B. canis*. Tendo em vista esses fatores, o projeto tem como objetivo compreender o perfil evolutivo de *B. canis*, bem como elucidar seus genes de resistência e virulência com potencial para o desenvolvimento de terapias específicas para caninos com brucelose. Vinte isolados de *B. canis* foram recuperados da bacterioteca do Laboratório de Bacteriologia Veterinária (LaBacVet) da UFRGS e após a extração do DNA genômico, foram sequenciados em duas plataformas de nova geração: na plataforma Illumina HiSeq, em laboratório parceiro; e na plataforma Oxford Nanopore, no próprio LaBacVet. Após os sequenciamentos, foi realizada uma avaliação da qualidade dos dados gerados e procedeu-se com uma montagem genômica híbrida, gerando assim uma cobertura e acurácia maior. Os montadores híbridos testados foram o Unicycler, MaSuRCA e Spades, sendo eleito o montador que apresentou as melhores métricas, como menor número de *contigs*, alto valor de N50 e tamanho do genoma de acordo com o esperado para a *B. canis*. Em seguimento, será realizado o alinhamento desses *contigs* com genoma de referência e polimento através dos programas de bioinformática BWA e Pilon. Após isso, a anotação genômica pelo PROKKA e análises *in silico* permitirão a caracterização dos genomas, para a localização e comparação de genes de virulência, resistência e mutações pontuais. Além disso, serão realizadas análises filogenéticas comparativamente a isolados de *B. canis* disponíveis em bancos de dados públicos para traçar o perfil evolutivo da *B. canis*.