



UNIVERSIDADE  
E COMUNIDADE  
EM CONEXÃO



**XIII FINOVA**

6 a 10 de novembro

<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2023: FEIRA DE INOVAÇÃO TECNOLÓGICA DA UFRGS - FINOVA
<b>Ano</b>	2023
<b>Local</b>	Campus Centro - UFRGS
<b>Título</b>	Caracterização pangenômica e filogenética de isolados de <i>Brucella canis</i>
<b>Autor</b>	CAMILA AZEVEDO MONI
<b>Orientador</b>	FRANCIELE MABONI SIQUEIRA

## CARACTERIZAÇÃO PANGENÔMICA E FILOGENÉTICA DE ISOLADOS DE BRUCELLA CANIS

Aluno: Camila Azevedo Moni

Orientador: Prof<sup>a</sup> Franciele Maboni Siqueira

*Brucella canis*, causadora da brucelose, é um patógeno de incidência universal, apresentando o cão como hospedeiro principal e o humano como ocasional. É listada pela Organização Mundial da Saúde (WOAH) como uma das zoonoses negligenciadas da atualidade, causando prejuízos tanto econômicos como sanitários. Apesar disso, atualmente, não existe tratamento eficaz para caninos com brucelose e há uma carência de dados acerca do perfil genômico e filogenético do patógeno. Por isso, o presente estudo visa compreender o perfil evolutivo, assim como elucidar seus genes de resistência e virulência capazes de ajudar no desenvolvimento de novas terapias. Para isso, 19 isolados de *B. canis* foram recuperados da bacterioteca do Laboratório de Bacteriologia Veterinária da UFRGS e, após a extração do DNA genômico, foram sequenciadas através de duas plataformas distintas (HiSeq - Illumina e MinION - Oxford Nanopore). Procedeu-se então para a escolha do melhor montador híbrido baseado nas melhores métricas, sendo eleito o Unicycler. Para o fechamento de *gaps*, utilizou-se o MAUVE e Geneious, e, para anotação genômica, a plataforma PATRIC. Com a anotação realizada, detectou-se a presença de dois genes de resistência a antimicrobianos: *gyrA* mutante que confere resistência as fluoroquinolonas e A-PGS que confere resistência a antimicrobianos. Para as análises filogenéticas, foram incluídos outros genomas de *B. canis* provenientes de bancos de dados públicos. Com a primeira análise, baseada em genes *multilocus sequence typing*, foi possível identificar a prevalência do *sequence type* 21 entre as cepas desse estudo; a segunda filogenia, baseada em *single nucleotide polymorphism*, foi possível observar dois grandes clusters, delimitando duas linhagens distintas, uma linhagem oriunda de países da América e outra linhagem de países da Europa, Ásia e África. Com esses resultados, espera-se agregar conhecimento acerca do perfil genômico e evolutivo da *B. canis* para que haja novas propostas terapêuticas para caninos com brucelose.