



## Conectando vidas Construindo conhecimento



XI FINOVA

27/09 a 1/10  
VIRTUAL

<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2021: FEIRA DE INOVAÇÃO TECNOLÓGICA DA UFRGS - FINOVA
<b>Ano</b>	2021
<b>Local</b>	Virtual
<b>Título</b>	Caracterização pangenômica e filogenética de isolados de <i>Brucella canis</i>
<b>Autores</b>	CAMILA AZEVEDO MONI SILVIA DE CARLI CASSIANE ELISABETE LOPES
<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* é um patógeno de caráter zoonótico e de incidência cosmopolita, sendo listado pela Organização Mundial de Saúde Animal (OIE) como uma das zoonoses negligenciadas. É o agente causador da brucelose, em que seu hospedeiro principal é o cão, tendo como principais sinais clínicos abortos e problemas de fertilidade, para os quais atualmente não há tratamento disponível; além disso, é capaz de infectar humanos, apresentando sinais inespecíficos, como febre ondulante e dores no corpo. Tendo em vista os impactos causados e a falta de informações genômicas e filogenéticas, foi delineado o presente estudo para uma maior compreensão dos fatores de virulência, resistência a antimicrobianos e perfil evolutivo de *B. canis*. Isolados de *B. canis*, provenientes de caninos obtidos no estado do Rio Grande do Sul, foram cultivados, tiveram seus DNAs extraídos e enviados para sequenciamento genômico. Foram recuperados da bacterioteca do LaBacVet e enviados para sequenciamento, em laboratório parceiro, 20 isolados de *B. canis*. No momento os sequenciamentos estão sendo realizados. Após o recebimento das sequências, utilizaremos softwares de bioinformática para avaliação na qualidade, seguido do descarte de *reads* consideradas abaixo da qualidade desejada, para então serem realizadas as montagens genômicas, através do método *de novo*. Após o fechamento dos gaps e obtenção das melhores montagens, a anotação das *opening reading frames* (ORFs) será realizada com o emprego do software PROKKA. As análises *in silico* para as buscas e comparações de genes de virulência, mutações pontuais, resistências adquiridas serão realizadas com plataformas disponíveis publicamente. As análises comparativas e evolutivas dos genomas obtidos serão baseadas nas construções filogenéticas incluindo os 20 genomas desse projeto e outros genomas de *B. canis* disponíveis nos bancos de dados públicos. Com as análises propostas e realizadas pretendemos identificar genes ou elementos genéticos com potencial para o desenvolvimento de terapias específicas para caninos com brucelose.