

Medicina Veterinária

Perfil genômico de virulência em Escherichia coli isoladas de humanos e cães em Minas Gerais

Isabel Santos Narciso - Discente do 9º módulo de Medicina Veterinária, UFLA, PIVIC/UFLA

Natacha da Silva Santos - Discente do 9º módulo de Medicina Veterinária, UFLA, PIBITI/CNPq

Isabella Lellis Mio Navarro - Discente do 9º módulo de Medicina Veterinária, UFLA, PIBIC/CNPq

Jéssica Luana Félix Moreira - Pós-graduanda do Departamento de Medicina Veterinária, UFLA - Coordenadora.

Elaine Maria Seles Dorneles - Professora do Departamento de Medicina Veterinária, UFLA

Carine Rodrigues Pereira - Professora do Departamento de Medicina Veterinária, UFLA.

Contato: carinepereira@ufla.br - Orientadora - Orientador(a)

Resumo

A *Escherichia coli* é uma bactéria comensal que pode atuar como patógeno oportunista em diferentes hospedeiros, apresentando elevada plasticidade genética, ou seja, possui alta capacidade de adquirir e perder genes, o que a torna uma espécie muito adaptável. Essa característica reforça seu potencial zoonótico, especialmente quando cepas semelhantes são encontradas em humanos e animais de companhia. Sob esse contexto, o objetivo deste estudo foi caracterizar o genoma de cepas de *E. coli* isoladas de humanos e cães em Minas Gerais, com foco na identificação de genes de virulência. Para isso, foram selecionadas da bacterioteca do Laboratório de Sanidade Animal e Saúde Coletiva (Lisasc) 11 cepas de urina (humanos) e 15 cepas de secreções uterinas (cadela), previamente coletadas em municípios de Bambuí e Belo Horizonte. Os isolados foram anteriormente caracterizados por técnicas microbiológicas clássicas. O DNA foi extraído com o kit Wizard e o sequenciamento completo foi realizado através da plataforma Illumina HiSeq 2500. Os dados foram avaliados pelo software FASTQC, a integração do genoma com os programas SPAdes, Unicycler e Edena e as montagens submetidas a plataforma NCBI. A identificação de genes de virulência foi conduzida com ABRicate (VFDB). Diante disso, a análise revelou a presença de 141 genes de virulência, relacionados à diferentes funções, como: adesão (*fimA*, *papX*, *papJ*, *focD*, *fdeC*), aquisição de ferro (*iucC*, *ybtE*, *chuS*, *fepG*), biofilme (*csgB*, *csgD*, *csgF*, *csgG*), evasão imune (*gtrA*), motilidade (*fliC*, *flhDC*, *motA/motB* e *fliA*) e toxinas (*sat*, *senB*, *hlyD*). Diversos desses genes foram compartilhados entre cães e humanos, evidenciando a sobreposição de determinantes genéticos e o risco de transmissão cruzada. Esses achados confirmam que cães podem atuar como reservatórios de cepas de *E. coli* geneticamente semelhantes às humanas, representando um potencial risco epidemiológico. Além disso, os dados mostram a grande diversidade de genes de virulência da bactéria, reforçando seu potencial de afetar ambos os hospedeiros. Esses resultados ressaltam a importância de monitoramentos contínuos na interface entre saúde animal e humana, visando prevenir a disseminação de genes e a adaptação de cepas a diferentes tecidos.

Palavras-Chave: animais de companhia, virulência, saúde única.

Instituição de Fomento: CAPES, CNPq, FAPEMIG, UFLA

Link do pitch: <https://youtu.be/Q4EN-3eBxfE>