

Medicina Veterinária

## **Análise MLST (Multi Locus Sequence Typing) do perfil alélico de 53 amostras de Escherichia coli provenientes de amostras clínicas e pecuárias de Minas Gerais e São Paulo**

Sami Killary Siqueira Rojas - Graduanda do 7º módulo de Biologia, UFLA

Jéssica Luana Felix Moreira - Mestranda do Departamento de Medicina Veterinária, UFLA -  
Coorientadora

Dircéia Aparecida Da Costa Custódio - Pós - Doutoranda do Departamento de Medicina Veterinária, UFLA.

Amanda Carvalho Rosado Ferreira - Doutoranda do Departamento de Medicina Veterinária, UFLA.

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 presente no intestino de humanos e animais, apresentando cepas comensais e/ou patogênicas. As infecções atreladas às condições clínicas podem acometer diversos âmbitos, desde a economia da pecuária leiteira, devido à mastite bovina, até a saúde e o bem-estar animal e humano, como as diarreias. O MLST (Multi Locus Sequence Typing) é uma ferramenta que avalia a combinação, geralmente, de sete alelos associados a genes housekeeping, ou seja, cruciais para a sobrevivência de um organismo. Isso permite a identificação de cepas e investigar a origem e a dispersão global de determinados complexos clonais, auxiliando então em vigilância de surtos. Portanto, o objetivo deste trabalho foi realizar a genotipagem (MLST) de 53 amostras de *E. coli*, oriundas de diversos hospedeiros e sítios de infecção, coletadas de diversos municípios dos estados de Minas Gerais e São Paulo. As cepas pertencem a um banco de dados da UFLA e UFMG, sendo sujeitas a técnicas laboratoriais padrão. Realizou-se a extração de DNA, utilizando o kit Wizard Genomic DNA Purification, posteriormente enviadas para sequenciamento pela plataforma Illumina Hiseq 2500. A avaliação da qualidade através do FASTQC. Os genomas montados pelos programas SPAdes, Unicycler e Edena. As avaliações de qualidade da montagem pelos softwares QUAST e CheckM. As reduções nos números de gaps foram executadas pelo Medusa. Por fim, esses genomas foram depositados na plataforma do NCBI. A análise genotípica por MLST dos isolados foi realizada utilizando o programa pubMLST. Após essa análise, 5 cepas possuíam novos alelos, sendo esses depositados na plataforma Enterobase e atribuídos novos STs para cada cepa. Foram retornados 35 sequence typing (STs) distintos: as amostras de bovinos apresentaram 19 STs (10, 16, 29, 58, 88, 154, 155, 165, 167, 602, 641, 1114, 1423, 1495, 2328, 4038, 17897, 17898, 17899); búfalos três STs (21, 83, 361), cães dez STs (12, 73, 95, 354, 372, 961, 1441, 3057, 17896, 17900) e cinco STs nas amostras de humanos (10, 73, 95, 131, 1193), o qual possui o ST mais prevalente (1193). Diante disso, esses isolados mostraram alta diversidade de STs, mas ainda existindo compartilhamento entre animais e humanos, podendo sugerir padrões de transmissão interespecie. Portanto, essas características a nível molecular podem inferir a proximidade genética e epidemiológica, indicando a possível origem dos isolados, além de estimar as taxas de mutações e recombinações gênicas.

Palavras-Chave: bioinformática, genômica, preventiva.

Instituição de Fomento: FAPEMIG, CNPq, CAPES

Link do pitch: <https://www.youtube.com/watch?v=4sN80MQb5pY>

Sessão: 4

Número pôster: 190

Identificador deste resumo: 5630-19-4778

novembro de 2025