



XVI congresso interno de iniciação científica

Ginásio Multidisciplinar da Unicamp  
24 a 25 de setembro de 2008



B0359

### **ANÁLISE DA DISTRIBUIÇÃO CLONAL DE LINHAGENS DE ESCHERICHIA COLI PATOGENICAS PARA AVES (APEC)**

Víctor Goncalves Maturana (Bolsista SAE/UNICAMP) e Prof. Dr. Wanderley Dias da Silveira (Orientador), Instituto de Biologia - IB, UNICAMP

A bactéria *Escherichia coli* contribui para a manutenção da fisiologia intestinal de muitos animais, mas pode causar grande variedade de doenças dependendo da presença de genes de virulência e de condições ambientais. Linhagens de *E. coli* associadas à patogenicidade em aves (APEC) causam grande variedade de doenças, levando a grandes perdas econômicas na produção de aves domésticas para a alimentação. Buscam-se, portanto, formas de combater essas infecções, mas muitos dos métodos empregados, como vacinação e uso de drogas antimicrobianas, têm-se demonstrado ineficientes devido à grande diversidade molecular existente dentro das linhagens APEC. É necessário, portanto, a caracterização dessas, para que relações filogenéticas possam ser estabelecidas, possibilitando melhores métodos de controle e tratamento gerais ou específicos para a linhagem presente no hospedeiro. Nesse sentido, o objetivo desse trabalho foi caracterizar e estabelecer relações filogenéticas entre linhagens APEC causadoras de diferentes quadros patológicos, além de linhagens comensais como controle, através da comparação de seqüências do gene codificador de flagelina (*fliC*). Obtivemos, como resultado, dois grandes grupos: um composto em maior parte por linhagens patogênicas (82%) e outro composto, em maior parte, por linhagens comensais; além da indicação de grande similaridade genética entre linhagens aviárias e humanas, o que levanta a possibilidade de APECs atuarem como reservatório de genes de virulência para humanos.

Patogenicidade - *Escherichia coli* - Caracterização