

ANÁLISE DE CEPAS DE *Brucella abortus* ATRAVÉS DA GENÔMICA COMPARATIVA.

Antonio Santiago de Sousa Neto¹; Fabrício Trindade Barroso²; Cleidianne Ferreira Dias³; Adonney Allan de Oliveira Veras⁴; Jorianne Thyeska Castro Alves⁵; Pablo Henrique Caracciolo Gomes de Sá⁶.

1. Antonio Santiago de Sousa Neto, Bolsista PIBIC, Graduando em Licenciatura em Biologia, Universidade Federal Rural da Amazônia Campus Tomé, antoniosanetto@gmail.com; 2. Fabrício Trindade Barroso; 3. Cleidianne Ferreira Dias; 4. Adonney Allan de Oliveira Veras; 5. Jorianne Thyeska Castro Alves; 6. Pablo Henrique Caracciolo Gomes de Sá, Universidade Federal Rural da Amazônia Campus Tomé-Açu, Universidade Federal Rural da Amazônia, e-mail pablogomesdesa@gmail.com.

RESUMO: ANÁLISE DE CEPAS DE *Brucella abortus* ATRAVÉS DA GENÔMICA COMPARATIVA.

A brucelose é uma doença negligenciada causada por bactérias gram-negativas do gênero *Brucella*. Este gênero é composto por 29 espécies, sendo a espécie *Brucella abortus* responsável por causar a brucelose bovina que afeta animais como, bovinos, cães, ovelhas e outros mamíferos. Além disso, a brucelose é considerada uma doença zoonótica, na qual a transmissão pode ocorrer entre diversos animais e seres humano, a transmissão ocorre por meio do contato direto com o animal afetando ou alimentos derivados de bovinos, afetando o setor alimentício, pecuário e bem como a saúde pública. A brucelose bovina em animais é responsável abortos espontâneos, e afetando diretamente o trato reprodutivos dos animais, em humanos a doença é conhecida como febre de malta ou febre ondulante, e entre seus sintomas estão as dores de cabeça, dores musculares e dores no trato urinário. Em bovinos a brucelose é tratada com vacinas que utilizam as cepas atenuadas RB51 e S19, e no tratamento o em humanos, consiste no uso de antibióticos. *B. abortus* apresenta resistência a antibióticos, dificultando o tratamento eficaz dos seus sintomas. Para compreender as relações evolutivas do patógeno foram utilizados recursos computacionais de bioinformática, e que visou investigar o pangenoma de *B. abortus*. Foram utilizados um total de 23 genomas completos de *B. abortus* e um de *Escherichia coli* str. K-12 substr. MG165 selecionados através do National Center for Biotechnology Information (NCBI), para criação da árvores filogenética foi utilizado gene rpoB, e o programa MEGAX, para geração genoma circular o *Blast Ring Genome* (BRIG) foi utilizado, na criação do heat-map foi utilizada ferramenta online Morpheus, e o pangenoma foi gerado pelo *Pan-Genomes Analysis Pipeline* (PGAP). As cepas de *B. abortus* se mostraram muito similares nas análises, o nível de similaridade chegou a 97% na árvores filogenética, foram quantificados 2.204 clusters de genes no pangenoma, desses genes 1.691 genes fazem parte do genoma central das 23 cepas e 208 genes são específicos de cada espécie, enquanto 305 genes fazem parte do genoma acessório. Faz-se necessário compreender a relações evolutivas da *Brucella abortus*, e trabalhar no desenvolvimento ações preventivas contra o patógeno e evitar que mais casos de brucelose bovina, de forma negligenciada.

PALAVRAS-CHAVE: brucelose, bioinformática; patógeno.