

Sub-área: Patogênese, Virulência e Resistência

Detecção por PCR de genes relacionados à virulência em estirpes patogênicas de *Leptospira* sp. de bovinos

Ana Luiza dos Santos Baptista Borges^a; Juliana dos Santos Loria de Melo^a; Maria Isabel Di Azevedo^a; Walter Lilenbaum^a

^a Laboratório de Bacteriologia Veterinária, Departamento de Microbiologia e Parasitologia, Universidade Federal Fluminense, Niterói-RJ

O gênero *Leptospira* apresenta um amplo espectro de patogenicidade em que determinadas espécies são capazes de produzir doença enquanto outras são mantidas no ambiente sem causar danos aos indivíduos. Isso pode estar relacionado à expressão de fatores de virulência que auxiliam a bactéria a causar alterações fisiológicas em um organismo hospedeiro através de proteínas que conferem adesão às células do hospedeiro, capacidade de movimentação ou de invasão da bactéria, mecanismo de evasão do sistema imune, presença de hemolisinas e outras condições que permitem a infecção. Para isso, alguns genes são responsáveis por expressar esses fatores, como por exemplo o *fliY* e *fcpA* que atuam na motilidade da bactéria conferindo seu movimento característico, *Isa63* e *lenA* que codificam adesinas capazes de interagir com células do hospedeiro, *invA* que auxilia no mecanismo de invasão celular e *sphA* que codifica uma hemolisina. Este estudo visa determinar a presença de genes relacionados à virulência em estirpes patogênicas de *Leptospira* sp. de bovinos. Foram selecionados 16 estirpes resultantes de isolados de amostras clínicas bovinas pertencentes às espécies patogênicas *L.santarosai* (n=12), *L. borgpetersenii* (n=2) e *L. interrogans* (n=2), disponíveis no banco de culturas do Laboratório de Bacteriologia Veterinária – UFF. Foram realizadas PCRs com primers específicos para 6 genes envolvidos em fatores de virulência (*fliY*, *lenA*, *fcpA*, *invA*, *Isa63* e *sphA*). O alvo *fliY* foi detectado em 14 estirpes (87,5%), *lenA* em 5 (31,25%) e os alvos *fcpA*, *invA*, *Isa63* e *sphA* em 16 (100%). Todos os genes foram encontrados nas três espécies avaliadas. Dessa forma, o estudo aponta uma relação importante entre a presença desses genes e a capacidade dessas espécies de *Leptospira* em causar doença em bovinos. Estudos futuros preveem a análise genética desses amplificadores possibilitando um melhor entendimento acerca da diversidade genética desses fatores. Posteriormente, análises genômicas podem esclarecer insights importantes acerca da interação patógeno-hospedeiro.

Palavras-chave: leptospirose; virulência; patogenicidade; bovinos; PCR

Agências de Fomento: Fundação Carlos Chagas Filho de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro – FAPERJ.