

# CARACTERIZAÇÃO DE UMA DE CEPA DE CLOSTRIDIUM DIFFÍCILE ISOLADA NO CEARÁ (ICC45)

XXXVIII Encontro de Iniciação Científica

Vamberto Benicio de Oliveira Junior, Cecília Costa Leite, Conceição da Silva Martins, Maria Luana Gaudêncio dos Santos Moraes, Paulo Vitor de Souza Pimentel, Gerly Anne de Castro Brito

*Clostridium difficile* é um bacilo Gram positivo anaeróbico estrito, formador de esporos e produtor de toxinas. Hoje, infecções por *C. difficile* representam a causa mais importante de diarreia hospitalar associada ao uso de antibiótico. O objetivo do presente trabalho foi realizar o sequenciamento genético das cepas ATCC 700057, NAP1 e ICC45. O sequenciamento do genoma das cepas ICC45 e NAP1(LIBA5756) auxilia na compreensão da dinâmica de infecções por novas cepas e cepas hipervirulentas de *C. difficile*. Com relação aos resultados foi demonstrado que o genoma da cepa ICC45 consiste em um cromossomo circular de 4.282.787 pares de bases e aproximadamente 3 a 5% do genoma consiste em elementos genéticos móveis. Assim como o genoma da cepa R20291, o genoma da cepa ICC45 ainda está em análise. Ainda não se identificou proteínas codificadas por todas as sequências, já que existe da única cepa totalmente sequenciada e analisada de *C. difficile* 630. Os genes específicos, como os do locus de patogenicidade PaLoc, *tcdB*, *tcdA* e *tcdC* foram estudados. A cepa ICC45 diferentemente da NAP1/027 não demonstrou deleção do gene *tcdC* que é regulador da expressão dos genes para *tcdA* e *tcdB*. Os genes *tcdB*, *tcdA*, *slpA*, *gyrA*, *gyrB* proporcionaram o desenho das sequências dos primers utilizados na análise de expressão gênica relativa. As análises independentes e dependentes do alinhamento confirmaram que o genoma do núcleo e o genoma acessório da cepa ICC45 diferem de outras cepas ST41 classificadas como Ribotipo 244. Em ambas as análises, a ICC45 não se agrupa com os outros isolados ST41. A análise de tipagem de sequência de Multilocus revelou a cepa ICC45 como pertencente a ST41 do Clado 2. Congruentemente, uma reconstrução filogenética baseada no polimorfismo de nucleotídeo único confirmou que a cepa ICC45 está intimamente relacionada com as cepas epidêmicas NAP1/027/ST01, como a cepa de referência R20291 e LIBA5756, um isolado clínico de um hospital costarriquenho.

Palavras-chave: Pesquisa. *Clostridium*. Sequenciamento Genético. Polimorfismo.