

Deep sequencing do gene 16SrRNA para diagnóstico de doenças em gatos domésticos

Andresa Guimarães¹; Juliana Macedo Raimundo¹; Gleice Marques Amaro¹; Camila Flávia Magalhães Botelho¹; Aline Tonussi da Silva¹; John Stephen Dumler² & Cristiane Divan Baldani^{1 3}

1. Programa de Pós-Graduação em Medicina Veterinária - UFRRJ, BR465, km07, Seropédica-RJ, Brasil; 2. Departments of Pathology and Microbiology & Immunology - University of Maryland School of Medicine, Baltimore-MD, USA; 3. Departamento de Medicina e Cirurgia Veterinária, Instituto de Veterinária, UFRRJ, BR465, km07, Seropédica-RJ, Brasil; e-mail para contato: andresaguimaraes02@yahoo.com.br.

Recentemente, algumas tecnologias que permitem o sequenciamento do DNA com alto rendimento (*deep sequencing* ou sequenciamento profundo) tornaram-se disponíveis. Estas tecnologias eram originalmente utilizadas para a sequenciar o genoma, mas também são uma excelente alternativa para a pesquisa de doenças marcadas pela ativação de genes específicos e a identificação de patógenos presentes no DNA do hospedeiro. As vantagens destes métodos são combinar a capacidade de detecção específica de métodos moleculares convencionais com o apoio direto de evidência baseada no genoma. No presente estudo foram selecionadas duas populações de gatos domésticos da região Metropolitana do Rio de Janeiro, uma com 105 animais provenientes de abrigos para animais abandonados e 178 atendidos em uma clínica veterinária especializada em felinos. Foi realizado exame clínico e coleta de amostras de sangue, realização de hemograma completo e extração do DNA com kit comercial com posterior armazenagem à -20°C. A quantificação do DNA foi realizada com o kit Quant-iT PicoGreen dsDNA Assay Kit®. As amostras foram divididas utilizando um programa de divisão em *clusters* (rwas hierarchical clustering - WESSA) em dendogramas contendo oito grupos em cada população. Foram selecionados 40% de indivíduos de cada população (40 de abrigos e 72 da clínica) para análise metagenômica. Efetuou-se o sequenciamento do gene 16SrRNA, para identificação das bactérias presentes no DNA. A análise foi realizada no Institute for Genome Science – The University of Maryland, utilizando a Tecnologia de Sequenciamento Illumina®. Os resultados gerados demonstraram que os gêneros de bactérias presentes com maior frequência são: *Mycoplasma*, *Escherichia*, *Rubrobacter*, *Acinetobacter*, *Bartonella* e *Staphylococcus*. Os gêneros *Mycoplasma* e *Bartonella* são agentes que frequentemente causam doença em gatos, além de serem relevantes zoonoses, o que denota a importância da pesquisa ampla de microrganismos.

Palavras-chave: metagenômica, doenças bacterianas, felinos

Apoio: CAPES, University of Maryland, Baltimore (UMB)