



DESENVOLVIMENTO DE MÉTODO RÁPIDO PARA IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR DE SOROTIPOS DE *SALMONELLA*

Rafaella Martins Hellfeldt¹, Diéssy Kipper², Fernanda Kielling Moreira², Silvia De Carli³,
Vagner Ricardo Lunge⁴, Nilo Ikuta^{4,5}

1 Aluna do Curso de Medicina Veterinária – ULBRA/Canoas; 2 Laboratório de Diagnóstico Molecular – ULBRA; 3 PPG em Ciências Veterinárias – UFRGS; 4 Professor do PPGBioSaúde; 5 Orientador

Introdução

O gênero *Salmonella* é um dos principais patógenos bacterianos que causa doenças entéricas e sistêmicas no homem e em animais, sendo classificado em espécies, subespécies e principalmente em sorotipos. O genoma desta bactéria é composto por um DNA cromossomal circular, com eventual ocorrência de plasmídios. A maioria dos genes está organizada em *operons*, sendo sete destes responsáveis pela produção dos RNAs ribossomais e transportadores: *rrnA*, *rrnB*, *rrnC*, *rrnD*, *rrnE*, *rrnG* e *rrnH*.

As regiões intergênicas (ISRs) presente nestes *operons* apresentam elevado grau de variação genética, possibilitando a identificação de gêneros, espécies e até sorotipos de bactérias.

Objetivos

O presente estudo tem como objetivo desenvolver um método de análise de DNA rápido para identificar sorotipos de *Salmonella* utilizando as ISRs dos *operons* *rrnB* e *rrnH*.

Metodologia



Resultados

A análise inicial dos resultados de sequenciamento pelo BLASTn demonstrou que 60 das 63 (95,2%) amostras apresentaram o mesmo resultado pelo método de KWL. A análise da árvore filogenética das seqüências conjuntas demonstrou a formação de agrupamentos específicos conforme os sorotipos. Essa análise conjunta aumentou o poder de discriminação, possibilitando inclusive a diferenciação de isolados de mesmo sorotipo, como para Typhimurium e Gallinarum. Especificamente as cepas do sorotipo Gallinarum apresentaram agrupamentos separados para os biovars Gallinarum, e Pullorum.

Conclusão

A análise das regiões intergênicas dos *operons* *rrnB* e *rrnH* possibilitou a identificação de sorotipos de *Salmonella*, além da diferenciação de isolados de alguns sorotipos. Novos estudos estão sendo realizados com um número maior de sorotipos e isolados visando o futuro uso desta técnica para identificação e caracterização de sorotipos de *Salmonella*.

Referências bibliográficas

- GUARD et al. *FEMS microbiology letters*, v. 337, n. 1, p. 61-72, 2012.
MORALES et al. *FEMS microbiology letters*, v. 264, n. 1, p. 48-58, 2006.
PULIDO-LANDÍNEZ et al. *Avian diseases*, v. 58, n. 1, p. 64-70, 2014.

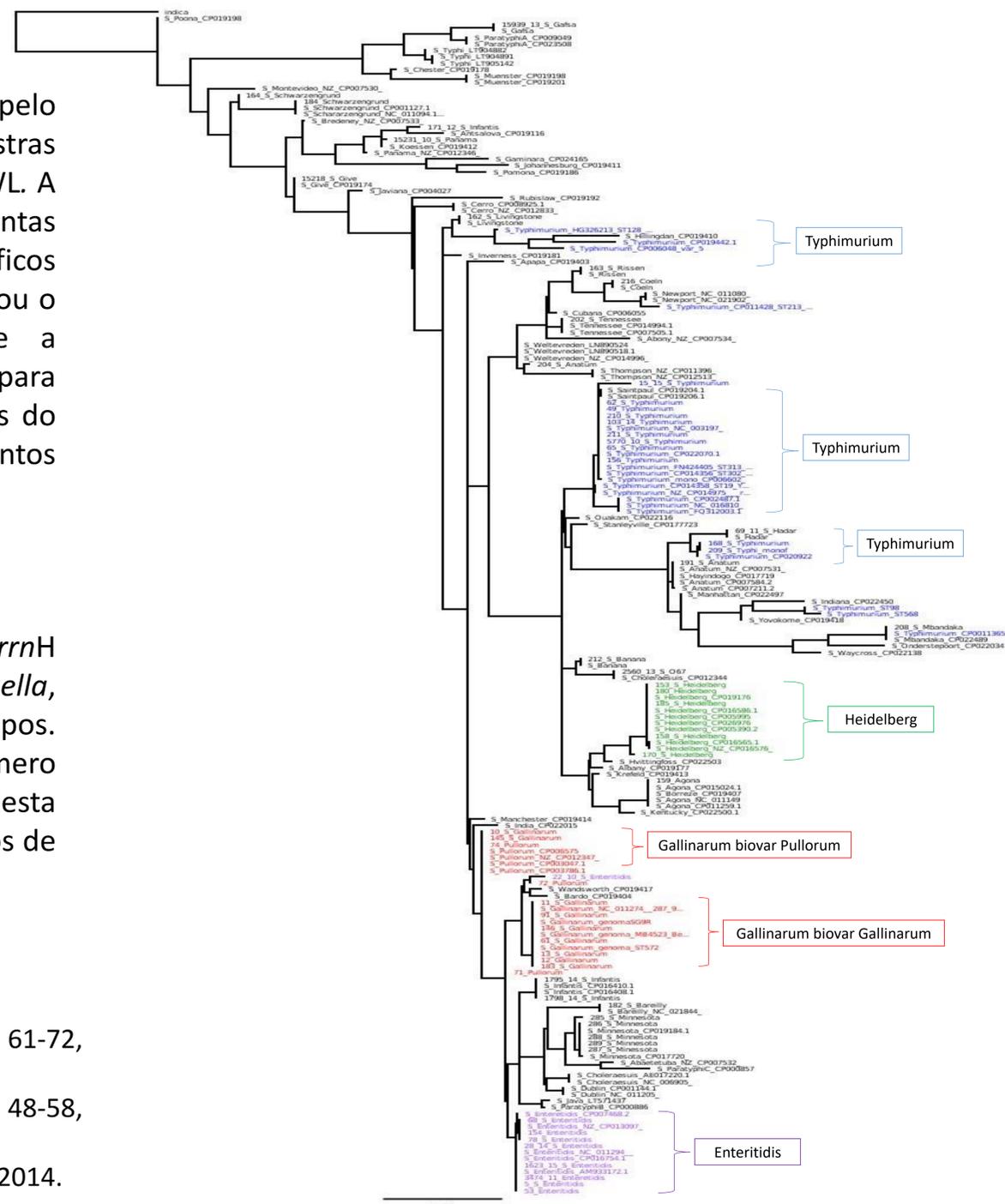


Figura 1: Árvore filogenética da análise conjunta dos *operons* com cepas de referência obtidas no GenBank realizado no software Geneious.