

IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR DE SOROTIPOS DE SALMONELAS AVIÁRIAS

Mônica Roberta Cardoso¹, Diéssy Kipper¹, Vagner Ricardo Lunge¹, Nilo Ikuta¹

Laboratório de Diagnóstico Molecular – Ulbra
monica.roberta_cardoso@hotmail.com

Introdução

A *Salmonella* está entre as principais bactérias envolvidas nos surtos de doença pelo mundo (Moreira, 2002). Seus sorotipos podem causar doenças em hospedeiros específicos como Gallinarum e suas biovars Gallinarum e Pullorum em aves, enquanto outros infectam uma gama maior de hospedeiros (como Typhimurium, Enteritidis, Heidelberg, etc.). A sorotipagem é uma ferramenta epidemiológica importante na caracterização de *Salmonella enterica*, porque ajuda a determinar a prevalência e surgimento de sorotipos patogênicos em diferentes regiões.

Objetivo

O objetivo do presente estudo consiste em realizar a identificação de sorotipos de *Salmonella* de origem aviária por técnica de amplificação por PCR seguida de sequenciamento de região do operon *rrnH* (codifica RNAs ribossomais).

Resultados

A sorotipagem clássica permitiu a detecção dos seguintes sorotipos: 11 Gallinarum (sendo 6 do biovar Gallinarum e 5 do biovar Pullorum), 5 Typhimurium, 4 Enteritidis, 3 Heidelberg e 7 indeterminados. Os resultados de sequenciamento do operon *rrnH* demonstrou 11 seqüências nucleotídicas diferentes. Em geral, os isolados de mesmo sorotipo (Typhimurium, Enteritidis e Heidelberg) apresentaram seqüências idênticas, iguais às respectivas seqüências de referência. Os resultados obtidos foram utilizados para a construção de uma árvore filogenética.

Conclusões

Após os resultados positivos das amostras para o gene *invA* e a realização dos procedimentos para verificação do operon *rrnH*, pode-se verificar que mais de 50% das amostras foram positivas para o mesmo. Os resultados do sequenciamento serão comparados com os dados de sorotipagem.

Materiais e Métodos

Foram obtidos 30 isolados de *Salmonella* a partir de amostras de granjas de aves.

Extração

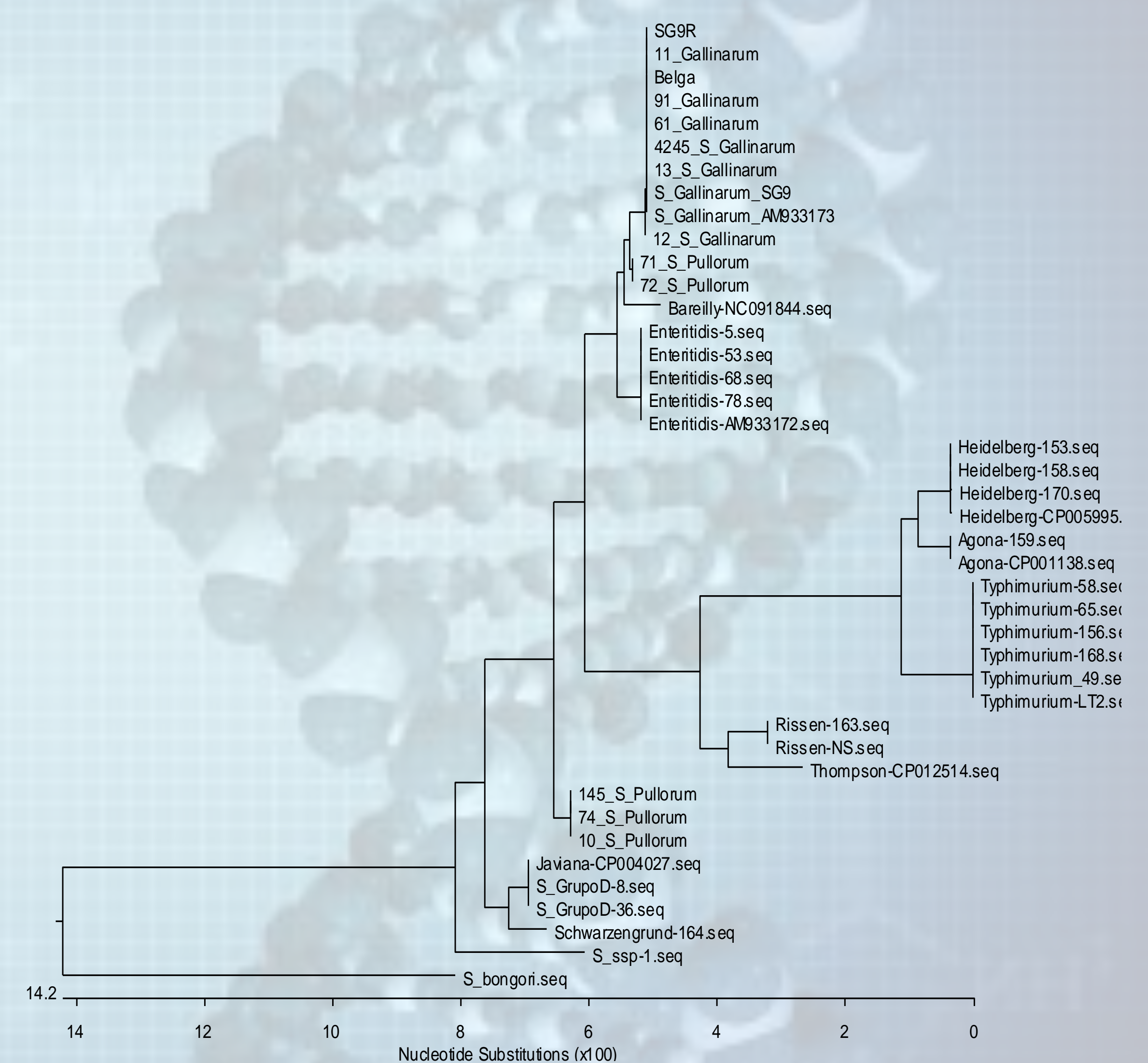
• Método de fervura (descrito por Soumet et al. 1994).

Amplificação por PCR

- PCR em tempo real - StepOne Plus (Applied Biosystems).
- Nested-PCR convencional

Sequenciamento

- Purificação pelo método de sílica - Kit NewGene Preamp (Simbios Biotecnologia – Cachoeirinha – Brasil)
- Quantificação - eletroforese em gel de agarose
- Sequenciamento - método Sanger.



Referências

Moreira, A. P. O. Pesquisa de *Salmonella* Spp. em frangos de corte de um dia de idade da região metropolitana de Fortaleza-CE. Publicado em 2002. Disponível em: <www.uece.br/ppgc/dmdocuments/ana_moreira.pdf> Acesso em: 25/05/2016