



# DESENVOLVIMENTO E VALIDAÇÃO DE MÉTODOS DE ANÁLISE DE DNA PARA IDENTIFICAÇÃO DE SOROTIPOS DE *SALMONELLA*

Rafaella Martins Hellfeldt<sup>1</sup>, Diéssy Kipper<sup>2</sup>, Fernanda Kielling Moreira<sup>2</sup>, Silvia De Carli<sup>3</sup>,  
Nilo Ikuta<sup>4</sup>, Vagner Ricardo Lunge<sup>4,5</sup>

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

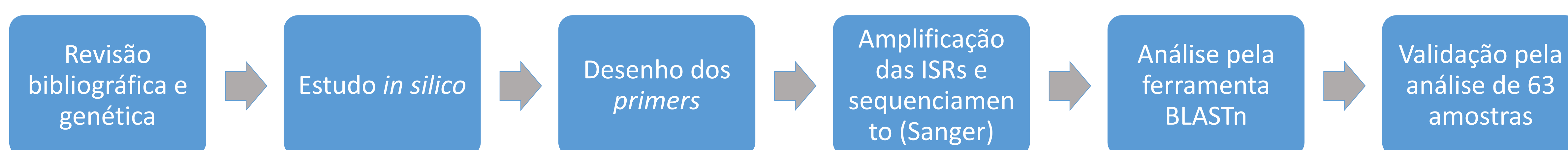
## INTRODUÇÃO

*Salmonella* é um dos principais patógenos bacterianos que causa doenças entéricas e sistêmicas no homem e em animais. A identificação dos sorotipos é essencial para a compreensão da epidemiologia desta bactéria e das doenças causadas por ela. Como todas as bactérias, o genoma das salmonelas é constituído de DNA cromossomal circular, com eventual ocorrência de plasmídios. A maioria dos genes está organizada em *operons*, entre os quais sete são responsáveis pela produção dos RNAs ribossomais (rRNAs) e transportadores (tRNAs): *rrnA*, *rrnB*, *rrnC*, *rrnD*, *rrnE*, *rrnG* e *rrnH*. As regiões espaçadoras intergênicas (ISRs) dos *rrns* apresentam elevado grau de variação genética, possibilitando a identificação de gêneros, espécies e até sorotipos de bactérias.

## OBJETIVOS

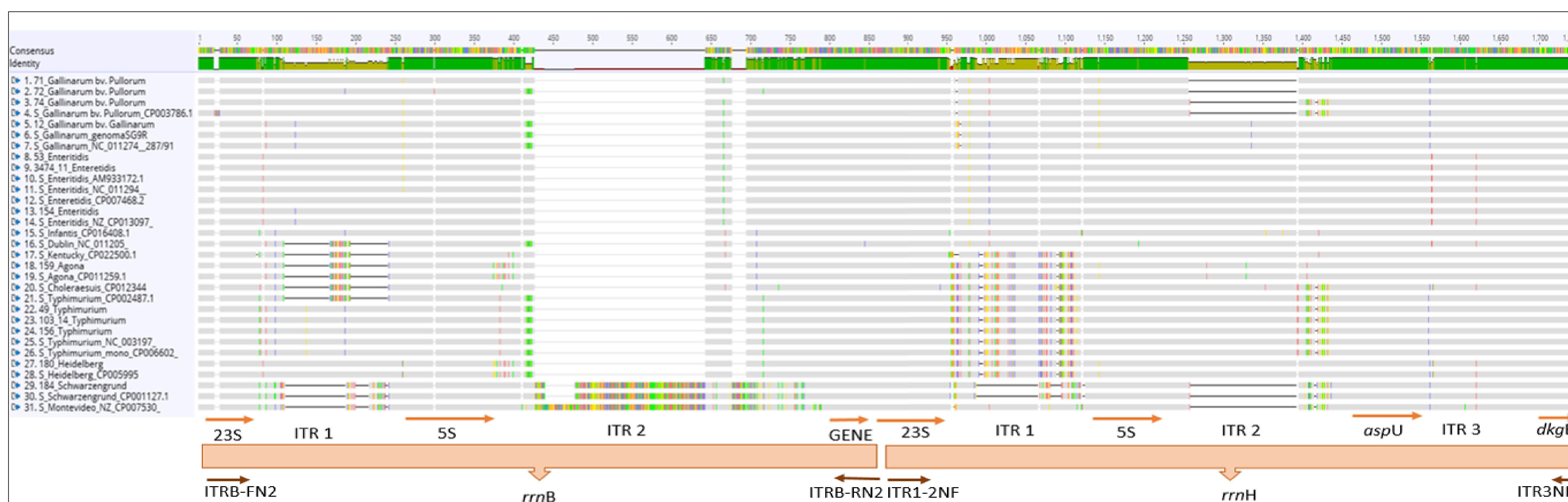
O presente estudo tem como objetivo estabelecer métodos de análise de DNA para identificar sorotipos de *Salmonella* utilizando as ISRs dos *operons* *rrnB* e *rrnH*.

## METODOLOGIA



## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados mostraram a identificação de duas regiões espaçadoras intergênicas (ISRs, *intergenic spacers regions*) localizadas nos *operons* *rrnH* e *rrnB* (síntese de RNAs transportadores/ribossomais). Os métodos de PCR-sequenciamento possibilitaram a amplificação e análise das ISRs de todos os 63 isolados. Amostras de mesmo sorotipo apresentaram sequências específicas em ambos ISRs, possibilitando a identificação dos sorotipos. A análise comparativa demonstrou 95,2% de concordância do método de análise de DNA em relação à sorotipagem. A análise conjunta das sequências aumentou o poder de discriminação, possibilitando inclusive a diferenciação de isolados de mesmo sorotipo (*Typhimurium* e *Gallinarum*).



## 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.