



## SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA XXVIII SIC

paz no plural



<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2016: SIC - XXVIII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2016
<b>Local</b>	Campus do Vale - UFRGS
<b>Título</b>	Diferenciação genética de cepas de Salmonella Heidelberg isoladas de fontes avícolas através da ribotipificação por PCR
<b>Autor</b>	ARTHUR SFFAIR DE ALMEIDA
<b>Orientador</b>	VLADIMIR PINHEIRO DO NASCIMENTO

## **Diferenciação genética de cepas de *Salmonella* Heidelberg isoladas de fontes avícolas através da ribotipificação por PCR**

Aluno: Arthur Sffair de Almeida

Orientador: Prof. Vladimir Pinheiro do Nascimento

Instituição de origem: Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS)

A avicultura brasileira possui grande importância no mercado mundial, uma vez que o Brasil é o segundo maior produtor e o maior exportador mundial de carne de frango. A expansão da avicultura resultou em um aumento na concentração de aves alojadas, favorecendo a disseminação de doenças, especialmente aquelas transmitidas pelo consumo dos produtos avícolas. *Salmonella* spp. é um dos principais agentes causadores de doenças transmitidas por alimentos em todo o mundo, inclusive no Brasil. Nos últimos anos tem ocorrido um aumento no número de isolamentos do sorovar *S. Heidelberg* a partir de fontes avícolas, especialmente na região sul do Brasil. Trabalhos anteriores desenvolvidos no CDPA já determinaram a relação clonal entre as cepas de *S. Enteritidis* de origem avícola e aquelas envolvidas em surtos de salmonelose em humanos. Para *S. Heidelberg*, no entanto, ainda não existem estudos avaliando uma possível relação clonal entre as cepas deste sorovar. A eletroforese em campo pulsado (PFGE) ainda é o padrão-ouro para a diferenciação de *Salmonella*. Entretanto, a ribotipificação através da reação em cadeia da polimerase (PCR) é um método mais rápido, de menor custo e de alta reprodutibilidade, além de apresentar resultados semelhantes àqueles obtidos através da PFGE. A ribotipificação por PCR é baseada na amplificação de regiões espaçadoras hipervariáveis entre os genes 16S e 23S, regiões altamente conservadas, gerando diferentes padrões de bandas amplificadas. Estes diferentes padrões de bandas permitem a classificação das cepas em ribotipos específicos. O objetivo deste trabalho foi diferenciar cepas de *S. Heidelberg* através da ribotipificação por PCR. Para a realização deste experimento, foram selecionadas 55 cepas de *S. Heidelberg* isoladas de fontes avícolas na região sul do Brasil. O método utilizado para a extração do DNA foi o tratamento térmico. Os *primers* e o protocolo de PCR utilizados foram obtidos a partir de trabalhos anteriores. Para a realização das reações de amplificação, foi preparado um mix de reagentes composto de água ultra-pura, solução tampão, dNTPs, um par de *primers* e Taq DNA polimerase. Ao mix foi adicionado o DNA extraído de cada cepa. A reação de amplificação foi realizada em termociclador. Os produtos da amplificação foram analisados através da eletroforese em gel, utilizando-se gel de agarose a 1% corado com brometo de etídeo. Após, realizou-se a leitura do gel em transiluminador de luz ultravioleta. Conforme o padrão de bandas obtidos, as cepas foram classificadas em diferentes ribotipos. Atualmente o projeto encontra-se em andamento.