



<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2015: SIC - XXVII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2015
<b>Local</b>	Porto Alegre - RS
<b>Título</b>	Detecção dos biovares Gallinarum, Pullorum e da cepa 9R de Salmonella pela reação em cadeia da polimerase (PCR) em isolados bacterianos de granjas avícolas.
<b>Autor</b>	NATHALIE DE SOUZA ZANETTI
<b>Orientador</b>	VAGNER RICARDO LUNGE
<b>Instituição</b>	Universidade Luterana do Brasil

Detecção dos biovares Gallinarum, Pullorum e da cepa 9R de *Salmonella* pela reação em cadeia da polimerase (PCR) em isolados bacterianos de granjas avícolas.

Nathalie de Souza Zanetti, Vagner Ricardo Lunge

Universidade Luterana do Brasil – ULBRA- Canoas- RS – Brasil.

A *Salmonella* é uma bactéria da família *Enterobacteriaceae* normalmente encontrada no trato entérico de diferentes animais. Este microrganismo é classificado em mais de 2.500 sorotipos, muitos dos quais associados a manifestações clínicas específicas em determinadas espécies animais. As salmonelas do sorotipo Gallinarum, que inclui as biovares Gallinarum e Pullorum, infectam diferentes espécies de aves causando tifo aviário e pulorose, respectivamente. Surtos destas doenças têm ocorrido em lotes de produção industrial de aves (principalmente frangos de corte e galinhas de postura) no Brasil nos últimos anos, causando grandes perdas econômicas. A redução de casos destas doenças em granjas avícolas tem sido obtida com programas de biossegurança e utilização de uma vacina comercial específica (cepa 9R) nos lotes em produção. O objetivo deste estudo foi aplicar métodos baseados na técnica da Reação em Cadeia da Polimerase (PCR, *Polymerase Chain Reaction*) para detecção molecular específica dos biovares Gallinarum, Pullorum e da cepa 9R a partir de isolados bacterianos de recentes surtos e lotes vacinados. As amostras utilizadas incluíram (a) 91 isolados de *Salmonella* previamente sorotipados e provenientes de aviários não vacinados de sete estados do Brasil (SC, RS, PR, DF, SP, BA e GO) entre 2011 e 2014 e (b) 50 isolados de lotes de aves vacinados com a cepa vacinal SG9R entre 2013 e 2015. Também foram obtidas culturas de referência dos biovares Gallinarum e Pullorum e uma cepa 9R vacinal para uso como controles nas reações. A metodologia consistiu em extração de DNA das amostras por fervura, detecção genérica de *Salmonella* pela PCR em tempo real (tendo o gene *invA* como alvo), e detecção específica dos biovares por três PCRs independentes (tendo os genes *glgC* e *speC* como alvo). Os resultados dos testes de PCR foram visualizados por eletroforese em gel de poliacrilamida e coloração com nitrato de prata. Na análise das 91 amostras de aviários não vacinados, dez isolados foram identificados como biovar Gallinarum e oito como Pullorum pelos testes de PCR de detecção específica (todos estes isolados haviam sido previamente identificados como sorotipo Gallinarum). Os demais isolados (previamente identificados como sorotipos Enteritidis, Typhimurium e outros) apresentaram resultado negativo nos testes de detecção específica. A análise das 50 amostras de lotes vacinados demonstrou a ocorrência de 31 isolados do biovar Gallinarum, sendo 20 da cepa 9R. Os outros 19 isolados apresentaram resultado negativo para sorotipo Gallinarum, mas positivo para *Salmonella* (indicando a ocorrência de outros sorotipos). Concluindo, o presente estudo demonstra a efetividade dos testes de PCR na detecção específica de isolados de *Salmonella* de sorotipos associados a surtos de tifo aviário e pulorose em aves, bem como da principal cepa vacinal (9R) utilizada no controle destas doenças. Estes procedimentos são uma alternativa eficiente para a identificação das principais biovares associadas ao tifo aviário e à pulorose, podendo substituir os métodos bioquímicos e sorológicos atualmente utilizados.