

# Análise temporal da relação clonal entre cepas de *Salmonella* Heidelberg isoladas de fontes avícolas

ARTHUR SFFAIR DE ALMEIDA<sup>1</sup>, VLADIMIR PINHEIRO DO NASCIMENTO<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Autor, Medicina Veterinária, Universidade Federal do Rio Grande do Sul

<sup>2</sup> Orientador, Medicina Veterinária, Universidade Federal do Rio Grande do Sul

## INTRODUÇÃO

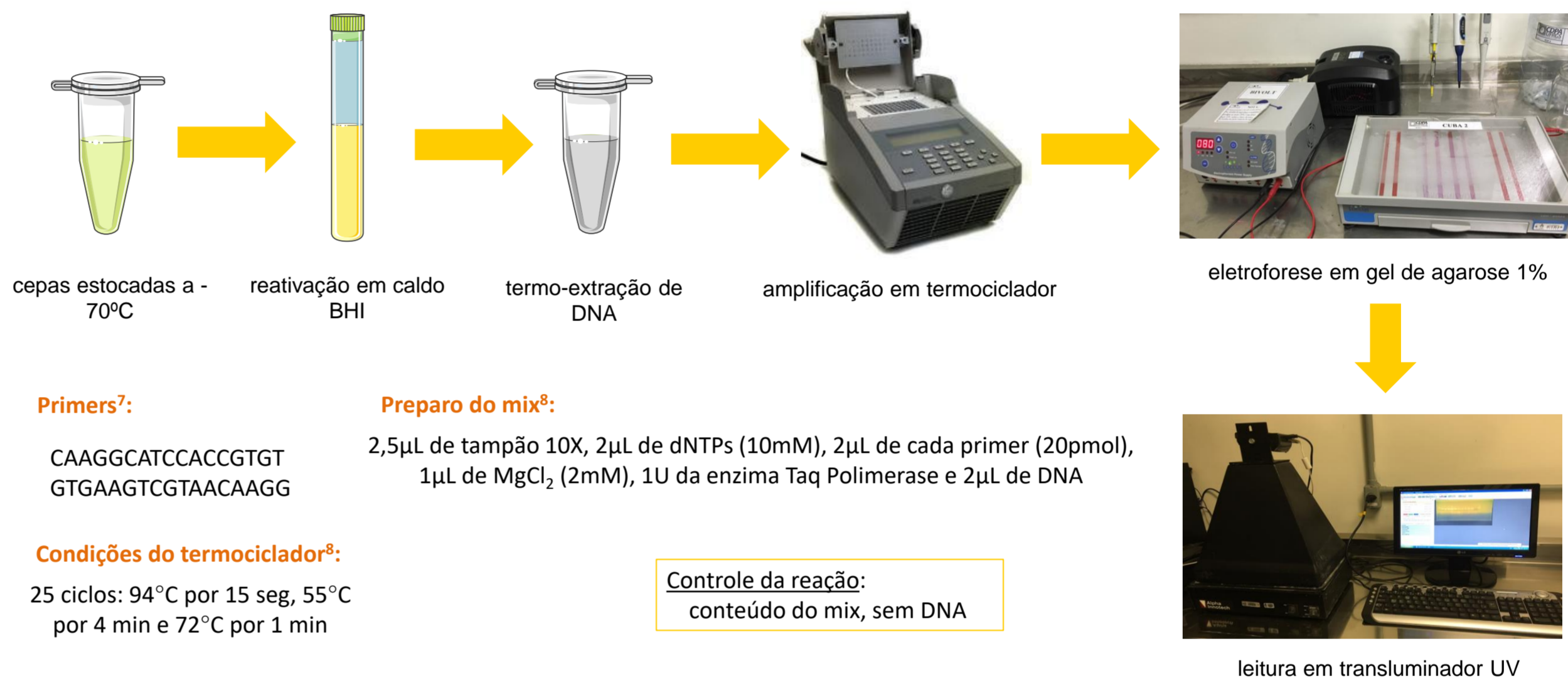
*Salmonella* spp. consiste em um dos principais agentes causadores de doenças transmitidas por alimentos em todo o mundo, inclusive no Brasil<sup>1,2,3</sup>. *S. Heidelberg* tem se destacado recentemente no cenário nacional como um dos principais sorovares isolados de fontes avícolas, especialmente na região sul do Brasil<sup>4</sup>. Entretanto, ainda não estão esclarecidas as causas que levaram ao aumento da identificação deste sorovar. Uma das hipóteses para o maior isolamento é o surgimento de um novo clone de *S. Heidelberg*, que seria capaz de se sobrepôr a outros sorovares. Trabalhos anteriores desenvolvidos no CDPA já determinaram a relação clonal entre as cepas de *S. Heidelberg* de origem avícola isoladas entre 1996 e 2006<sup>5</sup> através da ribotipificação por reação em cadeia da polimerase (PCR), um método rápido, de baixo custo e de alta reprodutibilidade<sup>6</sup>. Neste contexto, o objetivo deste trabalho foi diferenciar cepas de *S. Heidelberg* isoladas em 2016 através da ribotipificação por PCR e comparar com os ribotipos obtidos em cepas isoladas entre 1996 e 2006.

## MATERIAIS E MÉTODOS



33 cepas de *Salmonella* Heidelberg isoladas de fontes avícolas na região sul do Brasil em 2016

1. Ribotipificação por PCR das cepas isoladas em 2016.
2. Comparação dos resultados com a ribotipificação feita em amostras isoladas entre 1996 e 2006<sup>5</sup>.

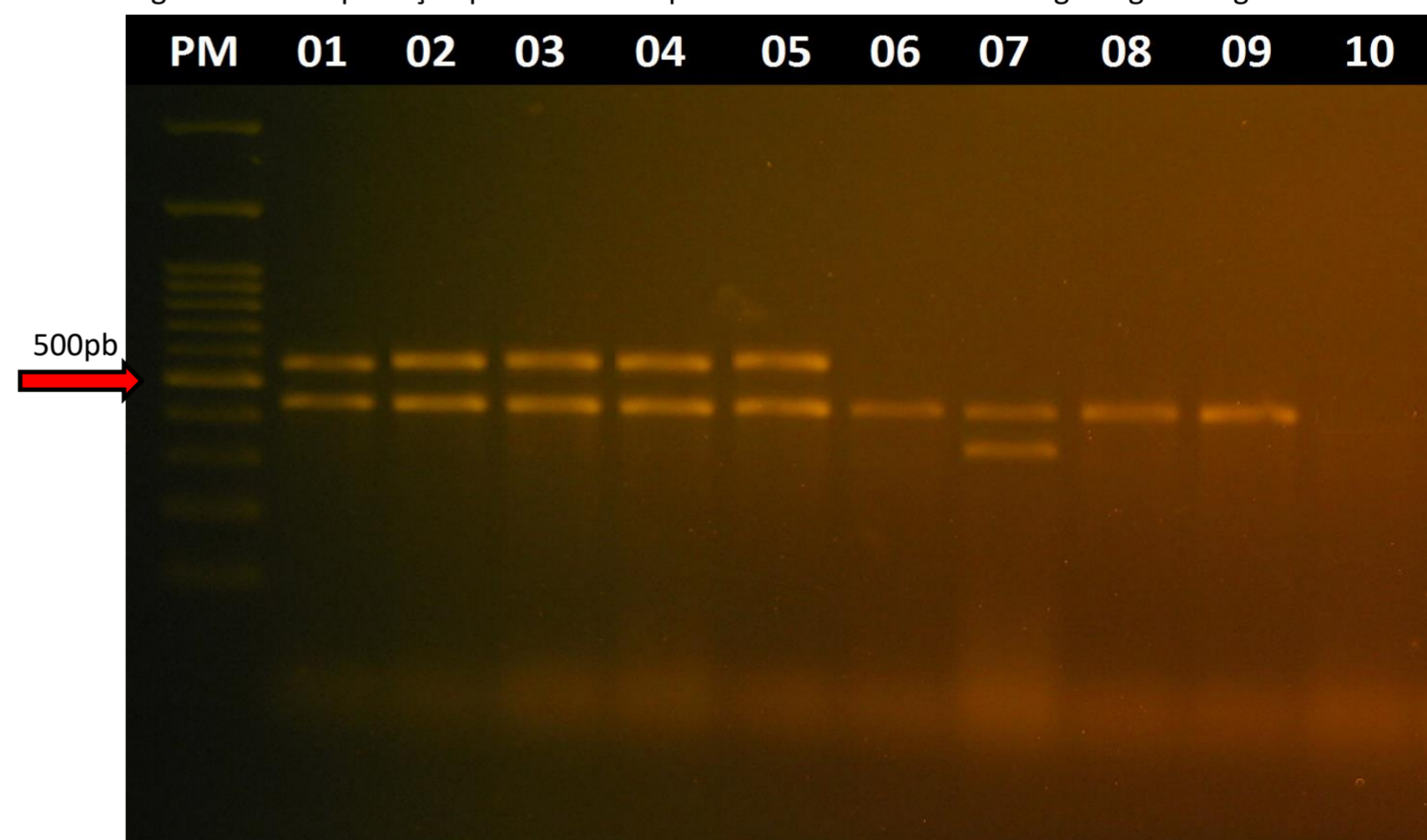


## RESULTADOS E DISCUSSÃO

- Todas as cepas apresentaram um fragmento de aproximadamente 400pb.
- A ribotipificação por PCR diferenciou as cepas de *S. Heidelberg* em três ribotipos: R1 (fragmentos de aproximadamente 400 e 600pb), R3 (fragmento de aproximadamente 400pb) e R4 (fragmentos de aproximadamente 300 e 400pb).
- O ribotipo R2 (fragmentos de aproximadamente 300, 400 e 600pb) não foi encontrado.
- Entre as cepas analisadas, 98,2% (23/33) foram classificadas no padrão R1, 24,2% (8/33) no padrão R3 e 6,1% (2/33) no padrão R4.

As cepas isoladas em 2016 apresentaram uma maior variabilidade quando comparadas com aquelas isoladas entre 1996 e 2006<sup>5</sup>. Também foram identificados dois novos ribotipos (R3 e R4). Entretanto, o ribotipo R1 continua sendo o mais prevalente e indica que, mesmo após 10 anos, continua circulando nas granjas avícolas. Por outro lado, o aparecimento de dois novos ribotipos pode indicar um tendência na mudança dos clones circulantes, o que poderia ser uma das possíveis razões para o aumento da frequência de isolamento deste sorovar.

Figura 1 - Ribotipificação por PCR das cepas de *Salmonella* Heidelberg em gel de agarose 1%:



Legenda: PM = marcador de peso molecular (100pb). 01 a 05 = cepas de *S. Heidelberg* com padrão de bandas R1 (fragmentos de 400 e 600pb). 06, 08 e 09 = cepas de *S. Heidelberg* com padrão de bandas R3 (fragmento de 400pb). 07 = cepas de *S. Heidelberg* com padrão de bandas R4 (fragmentos de 300 e 400pb). 10 = controle negativo da reação.

## CONCLUSÕES

Mais de 98% das cepas de *S. Heidelberg* isoladas em 2016 foram classificadas no ribotipo R1, indicando que este ribotipo permanece em evidência desde 1996. Entretanto, nos últimos 10 anos observou-se o surgimento de dois novos padrões de ribotipos, o que poderia justificar o aumento da frequência de isolamento deste sorovar.

## REFERÊNCIAS

1. Brasil (Ministério da Saúde - Secretaria de Vigilância em Saúde). Doenças Transmitidas Por Alimentos-2018. Brasil (Ministério da Saúde - Secretaria de Vigilância em Saúde); 2018. <http://portal.arquivos2.saude.gov.br/images/pdf/2018/janeiro/17/Apresentacao-Surtos-DTA-2018.pdf>
2. CDC (Center for Disease Control). Making Food Safer to Eat: Reducing contamination from the farm to the table. CDC. Disponível em: <<http://www.cdc.gov/vitalsigns/foodsafety/>>
3. WHO (World Health Organization). *Salmonella*. WHO. 2014. Disponível em: <<http://www.who.int/topics/salmonella/en/>>
4. ANDREATTI, R.L. Panorama da *Salmonella* spp. na América do Sul. In: AVISULAT – CONGRESSO SUL BRASILEIRO DE AVICULTURA, SUINOCULTURA E LATICÍNIOS, 4, 2014, Bento Gonçalves. Palestras. Bento Gonçalves: ASGAV, SIPS E SINDILAT/RS, 2014.
5. ALMEIDA, A. S. Diferenciação genética de cepas de *Salmonella* Heidelberg através da Ribotipificação por PCR. 2016. Salão de Iniciação Científica – Universidade Federal do Rio Grande do Sul
6. OLIVEIRA, F.A. et al. Clonal relationship among *Salmonella* enterica serovar Enteritidis involved in foodborne outbreaks in Southern Brazil. Food Control, v. 20, n. 6, p. 606-610, June 2009
7. JENSEN, M.A. et al. Rapid identification of bacteria on the basis of polymerase chain reaction-amplified ribosomal DNA spacer polymorphisms. Applied Environmental Microbiology. 59, 945-952, 1993.
8. BORGES, K.A. et al. Spread of a Major Clone of *Salmonella* enterica Serotype Enteritidis in Poultry and in Salmonellosis Outbreaks in Southern Brazil. Journal of Food Protection, Vol. 80, No. 1, 2017, Pages 158–163.