



Evento	Salão UFRGS 2018: SIC - XXX SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2018
Local	Campus do Vale - UFRGS
Título	Análise temporal da relação clonal entre cepas de Salmonella Heidelberg isoladas de fontes avícolas
Autor	ARTHUR SFFAIR DE ALMEIDA
Orientador	VLADIMIR PINHEIRO DO NASCIMENTO

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

Aluno: Arthur Sffair de Almeida

Orientador: Prof. Vladimir Pinheiro do Nascimento

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

O Brasil é um dos países em destaque no mercado avícola internacional, uma vez que é o segundo maior produtor de carne de frango. *Salmonella* spp. consiste em um dos principais agentes causadores de doenças transmitidas por alimentos em todo o mundo, inclusive no Brasil. *S. Heidelberg* tem se destacado recentemente no cenário nacional como um dos principais sorovares isolados de fontes avícolas, especialmente na região sul do Brasil. 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 sobrepor 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 através da ribotipificação por reação em cadeia da polimerase (PCR), um método rápido, de baixo custo e de alta reprodutibilidade. Neste contexto, o objetivo deste trabalho foi diferenciar cepas de *S. Heidelberg* isoladas em 2016 através da ribotipificação por PCR. Estes resultados foram comparados com os perfis de ribotipos obtidos para as cepas isoladas entre 1996 e 2006, a fim de se observar se há o surgimento ou não de um novo clone deste sorovar. Para a realização do 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. Para a realização das reações de amplificação, foi preparado um mix de reagentes composto do DNA da amostra, água ultrapura, solução tampão, dNTPs (10mM), MgCl₂, Taq DNA polimerase e um par de *primers* que amplificam as regiões espaçadoras hipervariáveis entre os genes 16S e 23S. As reações de amplificação foram realizadas em termociclador Swift MaxPro. 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 fotodocumentador digital com transiluminador de luz ultravioleta. Conforme o padrão de bandas obtido, as cepas foram classificadas em diferentes ribotipos. Os resultados das cepas isoladas em 2016 foram comparados com aqueles das cepas isoladas entre 1996 e 2006. Atualmente o projeto encontra-se em andamento.