

FATORES DE VIRULÊNCIA EM *Enterococcus* ISOLADOS DE AMOSTRAS DE SUABES RETAIS E FEZES DE MACACOS-PREGO (*Sapajus nigritus*) VIVENDO EM CATIVEIRO E SELVAGENS

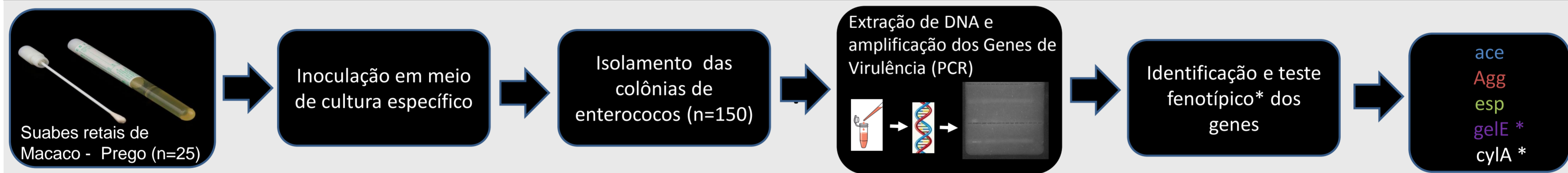
Luana Godoy¹, Ana Paula Guedes Frazzon¹

1. Departamento de Microbiologia, Imunologia e Parasitologia- Instituto de Ciências Básica da Saúde – Universidade Federal do Rio Grande do Sul

INTRODUÇÃO

Enterococos são bactérias Gram-positivas, habitantes do trato intestinal de humanos e maioria dos animais. A importância do estudo deste micro-organismo em macaco-prego selvagem e cativeiro, se dá por duas razões; a primeira, devido à falta de estudos sobre enterococos nestes animais e a segunda, para avaliar os efeitos antropogênicos na natureza. O trabalho teve como objetivo avaliar a distribuição e o perfil de suscetibilidade das espécies de enterococos isolados de fezes de macacos-prego selvagens e cativeiro de diferentes localidades do Rio Grande do Sul (São Sebastião do Caí –SSC, Santa Cruz do Sul-SCS e no Zoológico de Sapucaia- ZOO), bem como a presença de genes de virulência por PCR.

MATERIAL E MÉTODOS



RESULTADOS

Diferentes genes de virulência foram encontrados em aproximadamente 80% das amostras. Os genes de virulência foram observados em maior número em animais selvagens quando comparados com animais de cativeiro. O gene *ace* foi observado em 31/50 e 46/50 das amostras de SSC e SCS, respectivamente (Figura 1A e 1C) e em 8/50 das amostras do ZOO. Já os genes *agg* e *gelE* estavam presente somente nas amostras de animais selvagens (Figura 1A e 1C). O gene *esp*, foi observado em baixo número entre as amostras do ZOO e de SCS (Figura 1A e 1B).

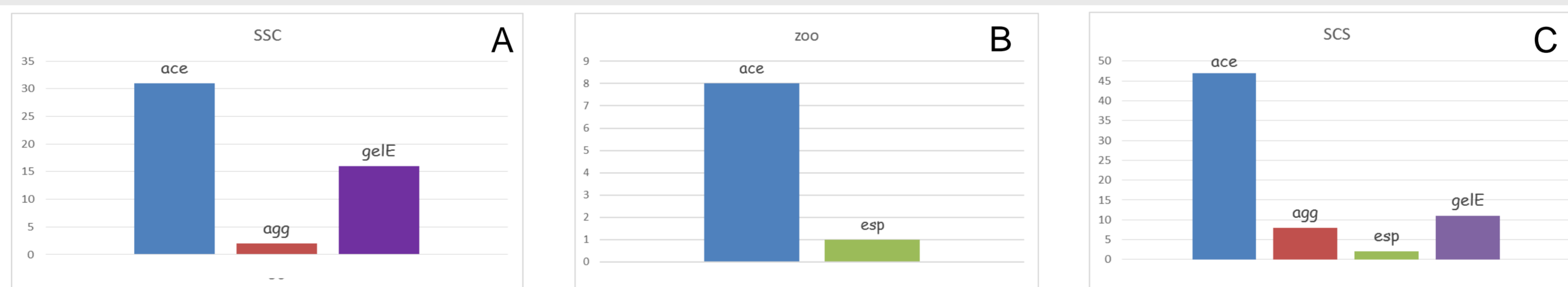


Figura 1. Número de genes de virulência observado entre as amostras de São Sebastião do Caí –SSC (A), Zoológico- ZOO (B) e Santa Cruz do Sul- SCS (C).

CONCLUSÃO

A presença dos genes de virulência pode estar relacionada com a adesão e manutenção das cepas no intestino destes animais, por outro lado é uma preocupação, uma vez que esses genes podem se disseminar no ambiente.

REFERÊNCIAS

- Eaton, T.J., Gasson, M.J. 2001Molecular screening of *Enterococcus* virulence determinants and potential for genetic exchange between food and medical samples. *App and Environ Microbio*, 67(4), 1628-1635. Donato, S.T. 2007.Comparação de métodos convencionais e semi-automatizados para identificação de *Enterococcus* spp. frente a *Biologia Molecular em identificações discrepantes*. 86 f. Dissertação (Mestrado). Universidade Federal do Ceará, Faculdade de Medicina, Fortaleza, Brasil.
- Huey B, Hall J. (1989) Hypervariable DNA fingerprinting in *E. coli* minisatellite probe from bacteriophage M13. *J. Bacteriol.* 171, 2528–2532
- Mannu, L., Paba, A., Daga, E., Comunian, R., Zanetti, S., Duprè, I., Sechi, L.A. 2003Comparison of the incidence of virulence determinants and antibiotic resistance between *Enterococcus faecium* strains of dairy, animal and clinical origin. *Int J Food Microbio.*, 88, 291-304.