



<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2013: SIC - XXV SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2013
<b>Local</b>	Porto Alegre - RS
<b>Título</b>	Pesquisa de genes de virulência associados a plasmídeos em cepas de Salmonella Enteritidis isoladas de fontes avícolas
<b>Autor</b>	SARA NEVES SOUZA
<b>Orientador</b>	HAMILTON LUIZ DE SOUZA MORAES

Nas últimas décadas a produção brasileira avícola apresentou um aumento expressivo, sendo um importante fator de desenvolvimento econômico e social para o país. Atualmente, o Brasil é o maior exportador e o terceiro maior produtor de carne de frango do mundo. Com a expansão da avicultura, ocorreu um aumento no número de lotes produzidos, concentrando-se mais aves em menores espaços físicos e, conseqüentemente, aumentando o risco de disseminação de doenças. Entre as doenças que acometem as aves, aquelas que podem ser transmitidas ao homem através da carne e dos ovos têm especial importância, destacando-se entre elas a salmonelose. A presença de *Salmonella* em lotes de frango representa um grande problema econômico para as exportações do produto brasileiro e, também, um problema em saúde pública, pois pode ser transmitida ao homem através do consumo de produtos contaminados. A patogenia da *Salmonella* é um fenômeno multifatorial e complexo, e sua virulência está relacionada à combinação de fatores cromossômicos e plasmidiais. Os plasmídeos são elementos genéticos que se replicam independentemente do cromossomo do hospedeiro e são um dos vários fatores determinantes da virulência da *Salmonella*, estando envolvidos na sobrevivência e crescimento da bactéria no interior da célula hospedeira. Os genes *spvC* e *spvB* (plasmídeo de virulência de *Salmonella*) são responsáveis pelo aumento da taxa de crescimento de *Salmonella* nas células do hospedeiro e por afetar a interação com o sistema imune. O gene *pefA* (fímbria codificada por plasmídeo) faz o reconhecimento e adesão à célula hospedeira, assim como auxilia na invasão e no acúmulo de fluidos. O objetivo deste trabalho foi avaliar a variabilidade genética de amostras de *Salmonella* Enteritidis isoladas de fontes avícolas através da pesquisa de genes de virulência associados aos plasmídeos. Foram analisadas 70 cepas de *Salmonella* Enteritidis isoladas de carcaças de frangos, de suabes de arrasto e de órgãos de aves. Foram pesquisados três genes plasmidiais associados à virulência (*spvC*, *spvB* e *pefA*) através da técnica de reação em cadeia pela polimerase (PCR). A extração de DNA foi feita por tratamento térmico. As reações de amplificação foram realizadas em termociclador, conforme protocolos previamente estabelecidos no laboratório, e a análise dos produtos amplificados foi feita através da eletroforese em gel 1,5% corado com brometo de etídeo e visualização em transiluminador de luz ultravioleta. Entre as amostras analisadas, 88,6% (62/70) foram positivas para todos os genes pesquisados, 7,1% (05/70) foram negativas para todos os genes, 1,4% (01/70) apresentaram apenas um dos genes pesquisados e 1,4% (01/70) apresentaram dois genes. Com os dados obtidos é possível observar uma tendência de que as diferentes cepas de *S. Enteritidis* apresentam a maioria dos genes de virulência associados aos plasmídeos, uma vez que este sorovar tem sido considerado um dos mais virulentos de *Salmonella*. Entretanto, a similaridade antigênica entre as cepas de um mesmo sorovar não significa que possuam, também, semelhanças genéticas.