

Ev LD*, Rup AG, Parolo CCF, Maltz M

Odontologia Preventiva e Social - UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL.

E-mail: laisdanielaev@gmail.com

O sequenciamento do gene 16S rRNA apresenta limitações na identificação de espécies de Lactobacilos devido à polimorfismos e múltiplas cópias deste gene. No sentido de aprimorar a classificação filogenética e superar estas limitações surge a proposta do uso de genes constitutivos na identificação de lactobacilos. O presente estudo teve como objetivo avaliar o uso dos genes constitutivos *pheS* (subunidade α da fenilalanina), *rpoA* (subunidade α da RNA polimerase) e *groEL* (hsp60 ou 60-kDa proteína de choque térmico) na identificação de espécies de lactobacilos orais mediante o sequenciamento parcial destes genes. Foi realizada a extração do DNA bacteriano dos isolados e a amplificação dos genes por PCR, seguido do sequenciamento dos mesmos. As sequências foram comparadas quanto à sua homologia com sequências de nucleotídeos do banco de dados do Centro Nacional de Informação Biotecnológica (NCBI). Os lactobacilos identificados nesse estudo pertencem às espécies de *L. paracasei* (n=41), *L. rhamnosus* (n=35), *L. plantarum* (n=1), *L. vaginalis* (n=1) e *L. parabuchneri* (n=1).

O gene rpoA não se mostrou efetivo como marcador filogenético para lactobacilos orais, enquanto os genes pheS e groEL foram marcadores filogenéticos confiáveis e com bom poder discriminatório. No entanto, para os L. rhamnosus o gene groEL mostrou-se mais eficiente do que o gene pheS. Assim, sugere-se o sequenciamento parcial do gene groEL como primeira alternativa na identificação genotípica de lactobacilos orais e, em casos de não amplificação, a utilização do gene pheS.