

SALÃO DE
INICIAÇÃO CIENTÍFICA
XXIX SIC
**UFRGS**
PROPESQ



múltipla 
UNIVERSIDADE
inovadora  inspiradora

Evento	Salão UFRGS 2017: SIC - XXIX SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2017
Local	Campus do Vale
Título	Detecção de genes de virulência em cepas de Salmonella Heidelberg isoladas de fontes avícolas através da técnica de PCR
Autor	ARTHUR SFFAIR DE ALMEIDA
Orientador	VLADIMIR PINHEIRO DO NASCIMENTO

Detecção de genes de virulência em cepas de *Salmonella* Heidelberg isoladas de fontes avícolas através da técnica de PCR

Aluno: Arthur Sffair de Almeida

Orientador: Prof. Vladimir Pinheiro do Nascimento

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

Atualmente, o Brasil é o maior exportador e o segundo maior produtor de carne de frango do mundo. Com a expansão da avicultura, aumenta o risco de disseminação de doenças, especialmente aquelas que podem ser transmitidas ao homem através do consumo de produtos de origem animal. *Salmonella* spp. é um dos principais agentes causadores de doenças transmitidas por alimentos em todo o mundo, inclusive no Brasil. Nos últimos anos tem ocorrido um aumento no número de isolamentos do sorovar *S. Heidelberg* a partir de fontes avícolas, especialmente na região sul do Brasil. A patogenicidade da *Salmonella* é um fenômeno multifatorial e complexo, e sua virulência está relacionada à combinação de fatores de virulência. Estes fatores são codificados por genes que conferem aos patógenos a habilidade de superar desafios e causar a infecção, e podem estar associados à estrutura bacteriana, às Ilhas de Patogenicidade de *Salmonella* ou aos plasmídeos. Neste contexto, o objetivo deste trabalho foi avaliar a variabilidade genética de cepas de *Salmonella* Heidelberg isoladas de fontes avícolas através da pesquisa de genes de virulência. Foram analisadas 30 cepas de *Salmonella* Heidelberg isoladas de fontes avícolas no Rio Grande do Sul em 2016. Foram pesquisados 15 genes associados à virulência (*lpfA*, *lpfC*, *agfA*, *pefA*, *sipB*, *invA*, *orgA*, *prgH*, *spaN*, *avrA*, *sopE*, *sopB*, *sivH*, *sifA* e *hilA*) através da técnica de reação em cadeia pela polimerase (PCR). A extração de DNA foi feita por tratamento térmico. Para a realização das reações de amplificação, foram preparados mix de reagentes compostos de água ultra-pura, solução tampão, dNTPs, um par de *primers* e Taq DNA polimerase. Ao mix foi adicionado o DNA extraído de cada cepa. 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. Atualmente o projeto encontra-se em andamento.