

021

IDENTIFICAÇÃO DE ESPÉCIES E AVALIAÇÃO DE VARIABILIDADE EM AEROMONAS COM BASE EM MARCADORES MOLECULARES(RAPD). *Liane de Oliveira Artico, Sergio Echeverrigaray, Ana Paula Delamare, Sérgio Olavo Pinto da Costa.* (Departamento de Ciências Biológicas, Instituto de Biotecnologia, Universidade de Caxias do Sul).

As *Aeromonas* são bacilos gram negativos em forma de víbrios, de distribuição ampla, oxidase positivos, anaeróbicos facultativos. Atualmente, as *Aeromonas* são separadas em quatro grupos: *A. hydrophila*, *A. caviae*, *A. sobria* e *A. salmonicida*. Baterias de testes bioquímicos, genéticos e imunológicos tem sido utilizado para elucidar a taxonomia do gênero. Visando a identificação de espécies e o estudo das relações filogenéticas entre elas, representantes de 12 espécies de *Aeromonas*, obtidos do ATCC e do CECT, foram avaliadas quanto ao polimorfismo protéico e por RAPD. Com base nos resultados obtidos através da análise de proteínas totais, criou-se uma matriz de similaridade que permitiu a divisão de quatro grupos distintos entre as espécies: (1) *A. hydrophila*, *A. allosaccarophila*, *A. ichthiosmia* *A. caviae*, *A. media*, *A. encheleia*, *A. veronii* e *A. euchrenophila*, (2) *A. trota* e *A. enteropelogenese*, (3) *A. sobria* e (4) *A. salmonicida*. Na análise de RAPD observou-se uma alta variabilidade entre as espécies de *Aeromonas* (variações superiores á 50%). Mesmo assim algumas associações foram observadas, as quais concordam com as obtidas por outras análises, tais como: *A. ichthiosmia* e *A. veronii*, também agrupadas através do sequenciamento do gene 16S RNA; e *A. encheleia* e *A. eucrenophila*, agrupadas pela análise de AFLP. Por outro lado *A. caviae*, *A. sobria*, *A. trota*, *A. salmonicida* e *A. hydrophila*, espécies reconhecidamente distintas, apresentam-se num mesmo agrupamento pela análise de RAPD. Uma comparação entre os resultados obtidos pelas duas análises, permitiu concluir que a avaliação de polimorfismo protéico é mais eficiente do que a análise de RAPD para identificação à nível de espécies.