



XXXV SALÃO de INICIAÇÃO CIENTÍFICA

6 a 10 de novembro

Evento	Salão UFRGS 2023: SIC - XXXV SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2023
Local	Campus Centro - UFRGS
Título	Comparação do perfil de virulência de cepas de Salmonella Heidelberg isoladas no período entre 2020 e 2021 com aquelas isoladas entre 1996 e 2006
Autor	MANUELA MACHADO CENCI
Orientador	KAREN APELLANIS BORGES FURIAN

Salmonella spp. é um dos principais causadores de doenças transmitidas por alimentos, sendo os produtos de origem avícola os mais frequentemente envolvidos nos surtos em humanos. Nos últimos anos, tem sido observado um aumento do isolamento do sorovar *Salmonella* Heidelberg, especialmente na região sul do Brasil. Uma das possíveis razões para o aumento da frequência deste sorovar é a modificação do perfil de virulência dos isolados. Neste contexto, o objetivo deste trabalho é pesquisar genes associados à virulência em cepas de *S. Heidelberg* isoladas recentemente (entre 2020 e 2021), comparando com os resultados obtidos de cepas antigas, isoladas entre 1996 e 2006. Foram selecionadas 28 cepas de *S. Heidelberg* isoladas entre 2020 e 2021. A extração de DNA foi feita através de tratamento térmico. Um total de 15 genes de virulência foi pesquisado através da técnica de PCR. A soma dos genes de virulência detectados em cada isolado foi calculada como o escore do Fator de Virulência (VF). Os genes *invA*, *avrA*, *lpfA*, *csgA*, *seL*, *sivH*, *stn*, *sifA* e *sopB* foram identificados em todos os isolados, enquanto que os genes *pefA* e *spvC* não foram identificados em nenhum. *sitC* e *lpfC* foram detectados em mais de 90% dos isolados. *sopE* foi encontrado em 89,3% dos isolados e *hilA* em 78,6%. O VF médio foi de 12,6. Comparando-se a frequência dos genes observados nos isolados considerados recentes com aqueles classificados como antigos, observou-se variação significativa apenas para o gene *hilA*. Este gene está associado com o reconhecimento do hospedeiro e invasão. Estudos anteriores demonstravam que este gene também poderia ser utilizado para determinação do sorovar *Salmonella*. Este resultado pode sugerir uma mudança no perfil de virulência dos isolados. A pesquisa destes genes em um maior número de isolados e a pesquisa de novos genes é necessária para confirmar esta hipótese.