

Sessão 23
Microbiologia e Toxicologia de Alimentos

181**CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE LINHAGENS DE LISTERIA SP. ISOLADAS DE ALIMENTOS NO RS.** Karen Einsfeldt, Jozi Fagundes de Mello, Jeverson Frazzon (orient.) (UFRGS).

Bactérias do gênero *Listeria sp.* são amplamente distribuídas no ambiente estando presente em diversos alimentos. Das 6 espécies que compõe o gênero, *Listeria monocytogenes* é a patogênica em humanos. Este patógeno é causador da listeriose, doença invasiva que acomete principalmente imunossuprimidos, idosos, neonatos e gestantes, apresentando uma taxa de mortalidade em torno de 30%. O gene *iap*, presente em todas as 6 espécies, está associado à capacidade de invasão celular. Em *L. monocytogenes* o domínio central do gene se caracteriza pela repetição seqüencial dos aminoácidos treonina e asparagina. O gene *hly* codifica a proteína listeriolisina O, responsável pela destruição do fagossomo possibilitando a disseminação da bactéria nas células do hospedeiro. Esse processo é específico da espécie virulenta aos humanos. O objetivo deste estudo foi caracterizar o gênero *Listeria sp.* e a espécie *L. monocytogenes* pelo uso dos genes *iap* e *hly*, respectivamente, e também avaliar a variabilidade genética das espécies virulentas pelo seqüenciamento do domínio central do gene *iap*. Foram utilizadas 11 amostras de *Listeria sp.* previamente isoladas de queijos produzidos na região litorânea do RS. As amostras foram analisadas, através da técnica de Reação em Cadeia da Polimerase (PCR), utilizando primers específicos para cada uma das regiões de interesse. Todas as amostras analisadas para a região N-terminal do gene *iap* apresentaram padrão de banda que caracteriza o gênero. Das 11 amostras analisadas para o gene *hly*, 6 apresentaram padrão característico da espécie virulenta, as quais tiveram a região central do gene *iap* amplificada e seqüenciada. Das amostras seqüenciadas, 5 apresentaram padrão de variabilidade semelhante e apenas uma das amostras apresentou padrão distinto. Os resultados indicam que a técnica de PCR é eficiente para a caracterização do microrganismo e o seqüenciamento se mostrou importante para a discriminação da espécie. (BIC).