Detecção de genes de virulência associados às Ilhas de Patogenicidade em cepas de Salmonella spp.

CAROLINA CERQUEIRA RODRIGUES[1,2], EMILY MORAES ROGES[2], JULIA CARDOSO PEREIRA[1], MARCIA LIMA FESTIVO VIEIRA[1,2], LAURA MARIA ANDRADE DE OLIVEIRA[2], PATRICIA CARVALHO DE SEQUEIRA[2], DALIA DOS PRAZERES RODRIGUES[1], GUSTAVO LUIS DE PAIVA ANCIENS RAMOS[1]

[1.] UNIVERSIDADE FEDERAL FLUMINENSE, PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM HIGIENE VETERINÁRIA E PROCESSAMENTO TECNOLÓGICO DE PRODUTOS DE ORIGEM ANIMAL, NITERÓI/ RJ, BRASIL
[2.] INSTITUTO OSWALDO CRUZ, LABORATÓRIO DE ENTEROBACTÉRIAS, RIO DE JANEIRO/RJ, BRASIL

Salmonella spp. é um patógeno zoonótico frequentemente relatado como causa de doenças gastrointestinais transmitidas por alimentos ou água contaminados. A habilidade da *Salmonella* spp. de invadir e colonizar vários tipos celulares no hospedeiro e causar doença depende de seus genes de virulência, elementos genéticos que auxiliam nas mudanças do potencial de virulência. A maioria desses genes está localizada em regiões específicas do genoma, conhecidas como *Salmonella Pathogenicity Islands* (SPIs). Presentes em bactérias patogênicas, as SPIs codificam genes envolvidos na adesão de células do hospedeiro, invasão, sobrevivência intracelular, mecanismos de defesa do sistema imune e especificidade ao hospedeiro. Este estudo buscou identificar os genes *invA*, *orgA*, *ssaQ*, *spi4D* e *sopB*, pertencentes às ilhas 1, 2, 3 e 5 através da técnica de PCR, considerando que a alta prevalência desses genes pode ser um desafio para à saúde pública. Foram selecionadas 62 cepas de *Salmonella* spp. isoladas de frango e matérias-primas, como casca e farinha de soja. Os isolados pertenciam ao acervo do laboratório e foram previamente identificados. Estavam estocadas em ágar nutriente tamponado e foram inoculadas em caldo nutriente seguido de semeadura em placas de ágar nutriente. Após 24 horas de crescimento em estufa a 37°C, as colônias selecionadas foram submetidas à extração térmica para obtenção do DNA. Em seguida, foi feito PCR buscando identificar os genes selecionados. Os resultados obtidos foram 55 (88,71%) positivas para *invA*, 56 (90,32%) positivas para *orgA*, 62 (100%) positivas para *ssaQ*, 38 (61,29%) positivas para *spi4D* e 56 (90,32%) positivas para *sopB*. SPI-1 e SPI-2 possuem o Sistema de Secreção do Tipo 3 (T3SS), através dele a bactéria transporta diferentes proteínas efetoras para a célula hospedeira. SPI-1 contém um componente de membrana interna chamado gene da proteína de invasão A (*invA*) capaz de afetar a célula hospedeira injetando proteínas efetoras secretadas pelo T3SS e que são necessárias para a invasão de células epiteliais. O gene *invA* tem sido usado em diversos estudos para identificar e confirmar a espécie Salmonella pois é um dos genes mais conservados em todos os sorotipos. Os genes *orgA* e *ssaQ* também estão relacionados a estrutura do T3SS. Já o gene *spi4D* tem a função de codificar o Sistema de Secreção Tipo 1 (T1SS), a proteína substrato correspondente e mediar a adesão. O T1SS exporta proteínas de virulência do citoplasma bacteriano para o espaço extracelular sem necessitar de intermediário periplásmico, facilitando a colonização do hospedeiro e a evasão do sistema imunológico. Por fim, o SPI-5 está relacionado com a resposta inflamatória, sendo o gene *sopB* associado à invasão celular de macrófagos. Esse gene é considerado extremamente importante para a remodelação da estrutura do citoesqueleto de actina da célula hospedeira, alterando a dinâmica de sua membrana e, assim, permitindo a invasão do patógeno e facilitando a disseminação de

bactérias no ambiente do hospedeiro induzindo diarreia durante a infecção. Apesar da detecção de genes de virulência ser usada para prever a virulência da bactéria, a presença desses genes não confere maior patogenicidade, pois isso requer a expressão de vários genes combinados. Conclui-se que foi encontrado alta prevalência dos genes pesquisados nas cepas utilizadas, o que pode significar mudanças na capacidade da *Salmonella* spp. adaptar-se a novos hospedeiros, comprometendo a segurança dos alimentos.

Agradecimentos: Ao LABENT/IOC, FIOTEC e CAPES pelo apoio e contribuição para a realização desse trabalho.