

SALMONELLA GALLINARUM: ORIGEM E DIVERSIFICAÇÃO DE SURTOS RECENTES NO SUL DO BRASIL

De Carli S^{1,2*}, Kypper D², Gräf T², Siqueira FM³, Cibulski S³, Lehmann FKM², Zanetti N², Ikuta N², Lunge VR^{2*}.

¹Graduanda do curso de Medicina Veterinária e apresentadora – ULBRA – Canoas silvia.decarli@hotmail.com

²Laboratório de Diagnóstico Molecular – ULBRA – Canoas

³Faculdade de Veterinária – UFRGS - Porto Alegre

*Orientador: vagner.lunge@gmail.com

INTRODUÇÃO

Tifo aviário e pulorose são doenças aviárias causadas por *Salmonella enterica* subsp. *enterica* do sorotipo Gallinarum (*S. Gallinarum*). Bactérias deste sorotipo são divididas em dois biovars: Gallinarum (associada ao tifo aviário) e Pullorum (associada à pulorose). No Brasil, o Programa Nacional de Sanidade Avícola (PNSA) foi implementado nos anos 90 para controlar os principais patógenos de aves, tendo sido eficaz na redução de *S. Gallinarum* entre 1994-2006. No entanto, mais de cem casos de tifo aviário foram relatados no Brasil recentemente. Entre as possibilidades para explicar esta situação destacam-se (i) a falha na biossegurança nas granjas avícolas e (ii) a reversão da virulência da principal vacina viva (cepa SG9R) que foi intensamente utilizada para controlar *S. Gallinarum* (VAN IMEERSEEL et al., 2013).

OBJETIVO

O objetivo deste estudo foi utilizar testes de biologia molecular e métodos filogenéticos para investigar as linhagens de *S. Gallinarum* de surtos recentes no Brasil.

MATERIAIS E MÉTODOS

Doze isolados coletados de lotes com tifo aviário ou pulorose, entre 2013 e 2014 nos Estados RS, SC e SP.

Deteção específica dos biovars Gallinarum / Pullorum e da cepa SG9R pela técnica de reação em cadeia da polimerase – PCR (KANG et al; 2012).

Amplificação e sequenciamento da região intergênica do operon *rrnH* (ISR) – Ribotipagem (PULIDO-LANDÍNEZ et al., 2013).

Sequenciamento do genoma BR_RS12 Plataforma MiSeq Illumina®.

Análise filogenética através de SNPs concatenados dos genomas de *Salmonella* Gallinarum SG9, SG9R, MB4523, ST572, VTCCBAA614, 287/91 e BR_RS12.

Avaliação de distância dos genomas com base no número de polimorfismos de nucleotídeos únicos (SNPs).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados demonstraram que seis isolados eram do biovar Gallinarum e seis do biovar Pullorum. Nenhum isolado apresentou resultado positivo para a cepa vacinal SG9R. A ribotipagem revelou maior diversidade nos isolados do biovar Pullorum, enquanto os seis isolados do biovar Gallinarum foram idênticos. A filogenia baseada em SNPs concatenados de genomas completos demonstrou que o isolado BR_RS12 está distante da cepa SGR. (figura 1).

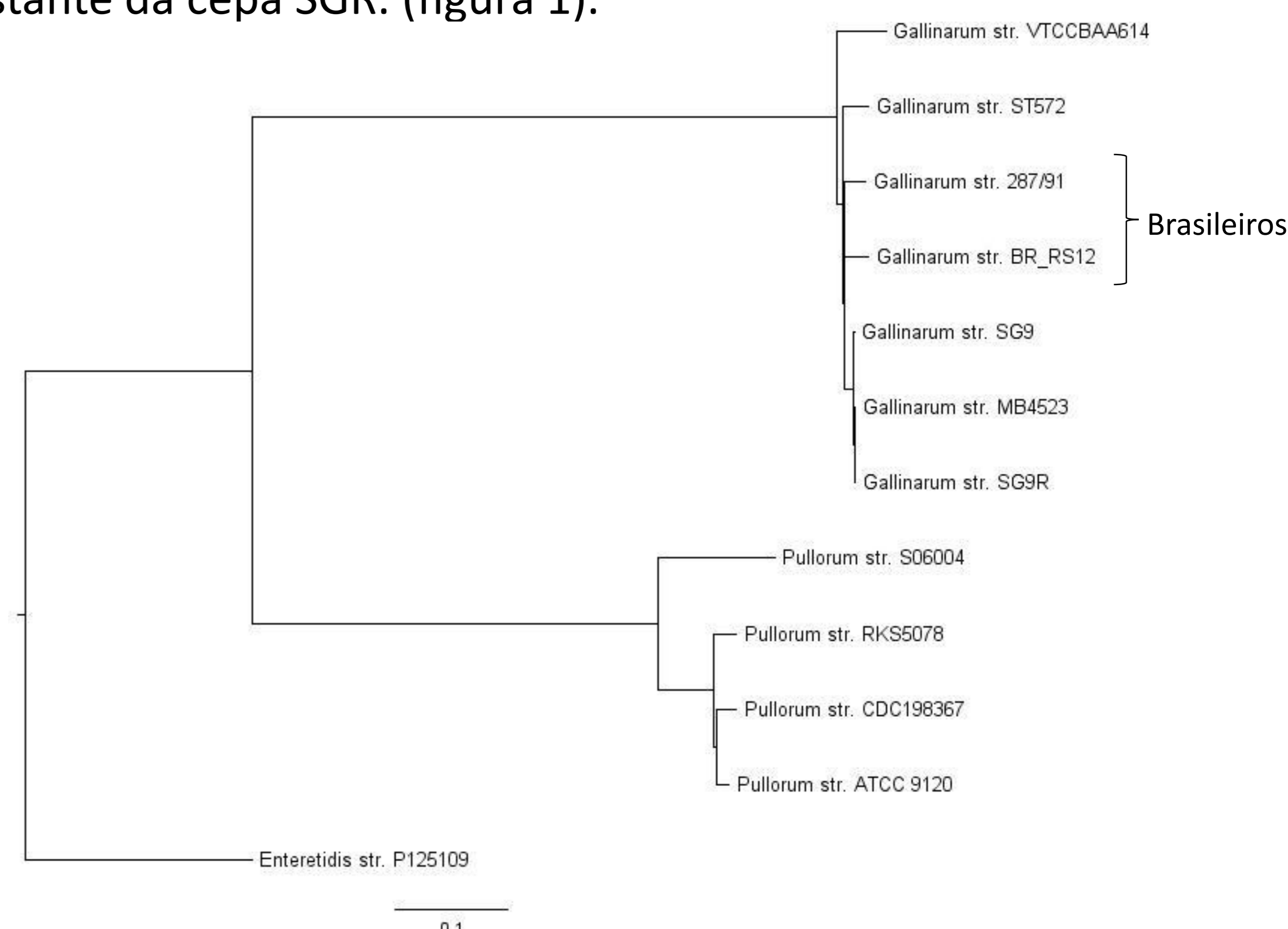


Figura 1. Análise filogenética de *Salmonella* Gallinarum biovars Gallinarum e Pullorum.

Na avaliação dos SNPs, a cepa BR_RS12 apresentou diferença significativa da cepa vacinal SG9R (260 SNPs). Já um isolado caracterizado em um episódio de reversão vacinal na Bélgica (MB4523) apresentou apenas doze SNPs de diferença com a cepa SG9R. Estas doze alterações foram avaliadas *in silico* nos outros genomas e os dois isolados brasileiros (287/91 e BR_RS12) apresentaram exatamente o mesmo padrão entre si e com outras cepas de campo, diferindo da cepa vacinal e revertente. Estes resultados sugerem que a origem das cepas associadas ao tifo aviário no Sul do Brasil provavelmente não são uma reversão recente da cepa vacinal SG9R.

CONCLUSÕES

Em conclusão, a nossa análise comparativa auxilia na compreensão dos surtos de tifo aviário no Brasil, relacionando estes episódios a falhas de programas de biossegurança nas granjas avícolas.

REFERÊNCIAS

- KANG, M. S.; KWON, Y. K.; KIM, H. R.; et al. Differential identification of *Salmonella enterica* serovar Gallinarum biovars Gallinarum and Pullorum and the biovar Gallinarum live vaccine strain gR. **Veterinary Microbiology**, v. 160, n. 3-4, p. 491-495, 2012.
- PULIDO-LANDÍNEZ, M.; SÁNCHEZ-INGUNZA, R.; GUARD, J.; NASCIMENTO, V. P. DO. Assignment of serotype to *Salmonella enterica* isolates obtained from poultry and their environment in southern Brazil. **Letters in Applied Microbiology**, v. 57, n. 4, p. 288-294, 2013.
- IMMERSEEL, F. VAN; STUDHOLME, D. J.; ECKHAUT, V.; et al. *Salmonella* Gallinarum field isolates from laying hens are related to the vaccine strain SG9R. **Vaccine**, v. 31, n. 43, p. 4940-5, 2013.