

---

## **Relações Filogenéticas Entre Distintos Sorovares de Salmonella Enterica A Partir de Análises Comparativas de Segmentos Gênicos Associados À Virulência Empregando Ferramentas de Biologia Computacional**

---

Fernanda Fernandes Pinheiro da Costa (I), Kárita Cláudia de Freitas Lidani (II), Jane Eyre Gabriel (I)

(I) UNIVASF - Universidade Federal do Vale do São Francisco (Caixa postal 91. CEP 56.302-970. Petrolina, PE, Brasil), (II) UFPR - Universidade Federal do Paraná (Rua XV novembro. CEP 80.060-900, Curitiba, PR, Brasil)

### **Resumo**

As bactérias do gênero *Salmonella* caracterizam-se como principais agentes microbianos típicos de contaminações alimentares e sua patogenia compreende inúmeros aspectos multifatoriais com a participação direta de múltiplos segmentos gênicos. Assim, o objetivo do presente estudo foi agrupar filogeneticamente distintos sorovares de *Salmonella enterica* a partir de análises comparativas de segmentos gênicos codificantes das proteínas do sistema de secreção Spa (“Surface protective antigens”), indispensáveis à patogênese desses microrganismos. Sequências de nucleotídeos codificantes das proteínas Spa de *Salmonella enterica* pertencentes aos seguintes sorovares Dublin (SDU29345), Gallinarium (SGU29347), Enteritidis (SEU29365), Typhimurium (STU29362), Typhi (STU29363), Typhimurium (STU29364) e Senftenberg (SSU29346) foram aleatoriamente escolhidas a partir de bancos de dados de informação biológica GenBank e submetidas a análises comparativas para construção de uma árvore descritiva de agrupamentos filogenéticos empregando o programa Mega 5.0. O dendograma demonstrando as relações evolutivas entre distintos sorovares de *S. enterica* revelou a presença de dois ramos principais: um primeiro agrupamento resultou na detecção de um sub-ramo

---

### **Referência:**

Fernanda Fernandes Pinheiro da Costa, Kárita Cláudia de Freitas Lidani, Jane Eyre Gabriel. Relações Filogenéticas Entre Distintos Sorovares de *Salmonella Enterica* A Partir de Análises Comparativas de Segmentos Gênicos Associados À Virulência Empregando Ferramentas de Biologia Computacional. In: **Anais do 12º Congresso Latinoamericano de Microbiologia e Higiene de Alimentos - MICROAL 2014** [= **Blucher Food Science Proceedings**, num.1, vol.1]. São Paulo: Editora Blucher, 2014.  
DOI 10.5151/foodsci-microal-243

compreendendo os sorovares Dublin, Gallinarum e Enteritidis (0,007) associado ao sorovar Typhisius (0,003) e um segundo agrupamento demonstrou a presença de um sub-ramo constituído pelos isolados Typhi (0,004) e Typhimurium (0,003), que por sua vez agrupou-se ao sorovar Senftenberg (0,002). Curiosamente, os resultados gerados demonstram que o agrupamento constituído pelos sorovares Typhi e Typhimurium compreendeu isolados característicos por infectarem camadas mais profundas da mucosa intestinal durante sua patogênese, enquanto os sorovares Gallinarum e Enteritidis agrupados em outro sub-ramo estão frequentemente envolvidos em casos de infecções alimentares e em contaminações de produtos avícolas. Inúmeros esforços vêm sendo despendidos a fim de investigar as relações evolutivas entre distintos sorovares de Salmonella e as descobertas descritas no presente estudo evidenciam relevantes informações acerca de epidemiologia molecular e evolutiva por análises comparativas de sequências de biomoléculas naturalmente expressas em agentes patógenos de relevância à microbiologia de alimentos.

**Palavras-Chave:** epidemiologia evolutiva, proteínas de secreção Spa, sorovares de Salmonella

**Agência de Fomento:**