

Medicina Veterinária

INVESTIGAÇÃO MOLECULAR DE *Salmonella* spp. EM SUABES DE ANIMAIS SILVESTRES EM MINAS GERAIS

Laura Valentim Bobbio Rocha - Acadêmica do 8º período de Medicina Veterinária, UFLA.

Ana Carolina Vaz Avelino - Acadêmica do 8º período de Medicina Veterinária, UFLA, Iniciação científica voluntária.

Maria Eduarda de Souza Teixeira Campos - Doutoranda em Ciências Veterinárias, PPGCV/UFLA.

Dirceia Aparecida da Costa Custódio - Pesquisadora DMV/FZMV/UFLA.

Elaine Maria Seles Dorneles - Professora DMV/FZMV/UFLA.

Angelica Terezinha Barth Wouters - Professora DMV/FZMV/UFLA. - Orientador(a)

Resumo

A salmonelose é importante zoonose de ampla distribuição mundial. Causada por bactérias do gênero *Salmonella*, a infecção ocorre pela ingestão de água e alimentos contaminados, acometendo o trato gastrointestinal de humanos e animais. O objetivo deste trabalho é identificar a ocorrência de *Salmonella* spp. em animais silvestres no estado de Minas Gerais por Reação em Cadeia da Polimerase (PCR). Foram coletados suabes orais e retais de 265 animais silvestres encaminhados para atendimento no Ambulatório de Animais Selvagens (AMAS-UFLA) (223/265) e para necrópsia no Setor de Patologia Veterinária (SPV-UFLA) (42/265), sendo 144 aves, 114 mamíferos, seis répteis e um peixe. Após a coleta e identificação, as amostras foram armazenadas em tubos estéreis contendo solução salina tamponada a -20°C e encaminhadas ao Laboratório de Sanidade Animal e Saúde Coletiva (LISASC-UFLA). Foram realizadas extrações de DNA pelo método da guanidina, seguidas pela quantificação do material genético em Nanodrop e avaliação da integridade do DNA em gel de agarose. O material genético extraído foi utilizado para a realização da PCR para detecção do gene alvo *ompC*. Foram utilizados os primers S18 e S19, com amplificação de 159 pares de base. Como controle positivo foi utilizada a ATCC *Salmonella typhimurium* 14028. Através da técnica de PCR foram detectadas 47 amostras positivas (25/47 suabes orais e 22/47 suabes retais), sendo elas de aves (28/47), mamíferos (16/47) e répteis (3/47). A maior proporção de resultados positivos em aves reforça o papel delas como importantes reservatórios e disseminadores de *Salmonella* spp., devido às suas características migratórias, contato frequente com diferentes ambientes e fontes de alimento. A detecção semelhante em suabes orais retais indica a persistência desse patógeno no trato gastrointestinal, refletindo rotas de eliminação e transmissão múltiplas. Logo, os resultados obtidos evidenciam a relevância da técnica de identificação molecular de PCR como ferramenta diagnóstica de alta sensibilidade e especificidade, auxiliando também na compreensão da circulação do microrganismo em diferentes espécies animais, bem como contribui para o estabelecimento de estratégias de monitoramento integrado na perspectiva da saúde única.

Palavras-Chave: PCR, salmonelose, saúde única.

Instituição de Fomento: UFLA, CNPq, FAPEMIG, CAPES

Link do pitch: <https://youtu.be/1C8Q0cF2YWM>