Medicina Veterinária

Tipificação fenotípica e genotípica de amostras de Brucella abortus biovar 4 isoladas de bovinos no Brasil

Bruna Reis Pereira - 8° módulo de Medicina Veterinária, UFLA, iniciação científica voluntária.

Rafaella Silva Andrade - Doutoranda em Ciências Veterinárias, DMV/UFLA.

Carine Rodrigues Pereira - Doutoranda em Ciências Veterinárias, DMV/UFLA.

Andrey Pereira Lage - Professor associado II - UFMG

Elaine Maria Seles Dorneles - Orientadora e Professora adjunta do DMV/UFLA - Orientador(a)

Resumo

Em função do impacto causado na pecuária e na saúde pública, foi criado no Brasil em 2001 o Programa Nacional de Controle e Erradicação de Brucelose e Tuberculose – PNCEBT. O diagnóstico de Brucella spp. é baseado geralmente em testes bacteriológicos e sorológicos. Entretanto, para investigar a relação epidemiológica entre isolados, rastrear surtos e controlar a disseminação da doença, é fundamental que se faça a caracterização intraespecífica de B. abortus considerando as biovariedades e as características moleculares dos isolados. O presente estudo teve como objetivo caracterizar duas amostras de B. abortus identificadas como pertencentes ao biovar 4 isoladas de bovinos no Brasil. As amostras foram isoladas de tecidos de bovinos abatidos nos estados do Pará e Rio Grande do Sul. A amostra de referência B. abortus biovar 4 292 = ATCC 23541 foi utilizada como controle em todos os testes. Na identificação fenotípica, os isolados foram positivos quanto à necessidade de CO2, produção de H2S, resistência à fucsina básica (20 μg / mL) e presença de antígeno de superfície M, sensíveis à tionina (20 μg / mL e 40 μg / mL) e ausência de antígeno de superfície A. Os isolados foram positivos na PCR singleplex para detecção do gene bcsp31 (gênero específico) e na PCR multiplex AMOS, ambos os isolados exibiram um perfil de bandas condizente com amostras de B. abortus biovar 1, 2 ou 4. Os dois isolados apresentaram padrões de restrição idênticos a amostra de referência quando testados pela técnica do PCR-RFLP omp2b, que diferencia pelo padrão do sítio de restrição da enzima Taq1, B. abortus biovar 1 de B. abortus biovar 4. Na genotipificação utilizando marcadores minissatélites (8) e microssatélites (8) (Multiple Locus Variable number of tandem repeat Analysis - MLVA) que compõe o MLVA16, os isolados apresentaram diferenças em vários loci (Bruce42, Bruce19, Bruce04, Bruce16 e Bruce30), embora exibissem o mesmo tipo de sequência (ST) (1-1-1-10-9-3-1-29-4) por Multiple Locus Sequence Typing (MLST). A extensa tipagem dessas amostras de B. abortus isoladas de bovinos no Brasil por diferentes abordagens confirmou a ocorrência rara de B. abortus biovar 4 no país. A partir deste estudo, conclui-se que a identificação e caracterização de espécies e biovariedades de Brucella que afetam animais e seres humanos são de extrema importância para se compreender a situação epidemiológica da brucelose, favorecendo melhorias nas estratégias de controle e erradicação da doença no país.

Palavras-Chave: Brucelose, Epidemiologia, Caracterização intraespecífica.
Instituição de Fomento: CAPES, FAPEMIG e CNPq

Link do pitch: https://youtu.be/lVNTwkQWg2A