

AMPLIFICAÇÃO POR PCR DO rDNA 16S DE BACTÉRIAS PATOGÊNICAS PRESENTES EM QUEIJO COALHO

Rosana Sousa da Silva¹, Terezinha Feitosa², Tuana Oliveira Correia³, Thalles Barbosa Grangeiro³

¹Faculdade de Tecnologia FATEC, Sobral, CE, Brasil; ²Embrapa Agroindústria Tropical, CP 3761, 60511-110, Fortaleza, CE, Brasil; ³Departamento de Biologia, Universidade Federal do Ceará, 60.455-970, Fortaleza, CE, Brasil

Os produtos lácteos são passíveis de contaminação por diferentes agentes etiológicos, que podem levar ao desenvolvimento de doenças em humanos, desencadeadas por microrganismos patogênicos ou suas toxinas. O risco que a presença de patógenos representa nos alimentos para os consumidores, mostra a necessidade de utilizar métodos rápidos na detecção e diagnóstico de microrganismos, como por exemplo, o PCR (*Polymerase Chain Reaction*). Este método é altamente sensível e específico, e vem sendo empregado com êxito em análise de produtos de origem animal para a detecção de vários microrganismos. O presente trabalho objetivou relatar a amplificação do gene que codifica o rRNA 16S (chamado rDNA 16S), usando o método de PCR, em isolados de *Salmonella* sp. e *Staphylococcus aureus* presentes em queijo coalho. Inicialmente, a presença de *Salmonella* sp. nas amostras foi verificada de acordo com Andrews e Hammack (2005), enquanto que a presença de *S. aureus* foi determinada nessas mesmas amostras segundo Lancette e Tatini (1992). Em seguida, realizou-se a extração de DNA genômico em 12 cepas de *Salmonella* sp. e em 16 cepas de *Staphylococcus aureus* isoladas de diferentes laticínios, segundo uma metodologia que utiliza o reagente CTAB. O sucesso na obtenção de amostras de DNA genômico de todas as cepas usadas foi confirmado por eletroforese em gel de agarose 0,8% (p/v). O gene rDNA 16S foi amplificado a partir das amostras de DNA genômico obtidas, via PCR, usando-se os iniciadores 27F (5'-AGAGTTTGATCCTGGCTCAG-3') e 1525R (5'-AAGGAGGTGATCCAGCC-3'). A análise dos produtos da reação, por eletroforese em gel de agarose 1%, revelou a amplificação, em todas as amostras, de uma única banda de DNA com aproximadamente 1.400-1.500 pb, o que está de acordo com o tamanho do rDNA16S. Esse resultado demonstra que as amostras de DNA genômico extraídas das cepas de *Salmonella* sp. e *S. aureus* possuem um grau de pureza suficiente para sua posterior identificação pelo seqüenciamento do rDNA 16S.

Agradecimentos: Embrapa e CNPq pelo suporte financeiro.