

*Salmonella enterica* subsp. *enterica* sorotipo Saintpaul em músculo de tambatinga (*Colossoma macropomum* x *Piaractus brachypomus*)

Yuri Duarte Porto<sup>1</sup>, Vinícius Silva Castro<sup>1</sup>, Fabíola Helena dos Santos Fogaça<sup>2</sup>, Janine Passos Lima<sup>2</sup>, Adelino da Cunha Neto<sup>1</sup>, Luciana Kimie Savay da Silva<sup>1</sup>, **Eduardo Eustáquio de Souza Figueiredo<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>. Universidade Federal de Mato Grosso, Faculdade de Nutrição, Cuiabá, Brasil

<sup>2</sup>. Embrapa, Agroindústria de Alimentos, Rio de Janeiro / RJ, Brasil

*Salmonella enterica* não tifóide (*S. enterica*) é um dos patógenos de origem alimentar mais prevalentes que causa doenças diarreicas em humanos. Neste sorogrupo, *S. typhimurium* e *S. enteritidis* são os dois principais sorovares que causam salmonelose não tifóide. Quando não levam a doença, após a infecção, o hospedeiro pode atuar como portador por um longo período (mais de 10 semanas após a infecção). Esses portadores são caracterizados por condições assintomáticas e podem atuar como reservatórios e, portanto, contribuir para a propagação do patógeno e doença. Para investigar a possível ocorrência desta situação e caracterizar sorotipos existentes na cadeia produtiva de peixes nativos em Mato Grosso, realizamos o sequenciamento genômico completo de um isolado de *Salmonella* spp previamente obtido pelo método ISO 6579 e proveniente do músculo costal de tambatinga retirada diretamente de piscicultura abatida e manipulada assepticamente em laboratório. Para o sequenciamento genômico, utilizamos a plataforma Illumina NovaSeq 6000 System (Illumina Inc., San Diego, CA, EUA), monitoramos a qualidade das leituras pelo FastQC. e identificação do sorotipo foi realizada usando a ferramenta SeqSero2 v1.0.2. O banco de dados VirulenceFinder foi utilizado para determinar genes de virulência e o SPIFinder 2.0 foi utilizado para identificar ilhas de patogenicidade nas sequências. Assim foi possível identificar *S. Saintpaul* presente na musculatura do peixe e determinar a presença das ilhas de patogenicidade SPI-1 e SPI-2, os principais genes identificados nessas ilhas foram as famílias *inv*, *sip*, *ssa* e *sse*, bem suas diversas subunidades, contudo nenhum plasmídeo foi detectado. As ilhas de patogenicidade de *Salmonella* (SPIs), desempenham um papel importante na sobrevivência e proliferação de bactérias no sistema hospedeiro. O SPI-1 está envolvido no estágio primário da doença que é a adesão e invasão da mucosa intestinal. SPI-2 é referido para o crescimento e sobrevivência de bactérias dentro da célula hospedeira durante a fase sistêmica da infecção que envolve o transporte de *Salmonella* dentro dos macrófagos do intestino para outros órgãos do corpo e as células dendríticas envolvidas contribuem na disseminação de *Salmonella* em várias partes do corpo. Nas células dendríticas, *Salmonella* não se replica, mas permanece viável o que poderia explicar a presença no músculo do peixe, que durante a inspeção macroscópica *post mortem* não apresentou lesões no intestino, fígado e baço. Portanto, conclui-se que tambatinga pode ser um hospedeiro assintomático de *Salmonella* Saintpaul e capaz de veicular salmonelose não tifoidal caso ocorra o consumo de carne de peixe crua ou mal cozida.

**Agradecimentos:** Secretaria de Desenvolvimento Econômico do Estado de Mato Grosso (SEDEC-MT). Instituto de Defesa Agropecuária de Mato Grosso (INDEA-MT), Associação dos Aquicultores de Mato Grosso (AQUAMAT).