

MINI-COMUNICAÇÃO**AREA: Microbiologia de Alimentos (Divisão K) - PAINEL: 002****SUB-AREA: K04 - Metodologias analíticas para isolamento e identificação****PESQUISA DO GENE femA EM Staphylococcus spp. ISOLADAS DE QUEIJO DE COALHO****Autores** BORGES, M. F.¹; ANDRADE, A. P. C²; PORTO, B. C²; FIGUEIREDO, E. A. T.²; ARCURI, E. F.³**Instituição** 1. CNPAT; Embrapa Agroindústria Tropical; Rua Dra. Sara Mesquita, 2270, Pici, Fortaleza, CE, Brasil.

2. UFC; Departamento de Tecnologia de Alimentos; Av. Mister Hull, 2977, Campus do Pici, Bloco 858, Fortaleza, CE, Brasil.

3. CNPGL; Embrapa Gado de Leite; Rua Eugênio do Nascimento, 610, Dom Bosco, Juiz de Fora, MG, Brasil.

Resumo:

A presença de *Staphylococcus* enterotoxigênicos em queijo de Coalho pode constituir problema de saúde pública pelo risco de causar intoxicação alimentar. *S. aureus*, *S. intermedius*, *S. hyicus* e algumas espécies coagulase negativa são as mais associadas a casos e surtos de intoxicação estafilocócica, devido à habilidade de muitas de suas cepas produzirem vários tipos de enterotoxinas (SEA a SEU). Métodos de tipagem molecular, baseados na análise do DNA, como a reação de polimerização em cadeia (PCR), tem se revelado uma alternativa rápida, sensível e específica para identificação de espécies bacterianas. Embora o gene *femA* seja considerado um marcador essencial e específico para a identificação de *S. aureus*, devido a sua resistência à meticilina, esse gene não é uma região conservada somente nessa espécie. Estudos relatam a presença desse gene em algumas espécies de *Staphylococcus* coagulase negativa resistentes à meticilina. O objetivo do trabalho foi realizar pesquisar o gene *femA* em cepas de *Staphylococcus* através da PCR. Foram utilizadas 95 cepas de *Staphylococcus*, sendo 40 cepas coagulase positiva e 55 coagulase negativa, isoladas de queijo de Coalho, comercializado em Fortaleza-CE, e previamente identificadas por testes bioquímicos. A extração do DNA celular e a reação de PCR seguiram protocolos descritos na literatura. A amplificação do fragmento de 132pb, específico para o gene *femA*, foi observada em 95% (38/40) das cepas de *Staphylococcus* coagulase positiva e 16,4% (9/55) das cepas coagulase negativa, distribuídas em sete espécies, *S. aureus*, *S. saprophyticus*, *S. chromogenes*, *S. cohnii spp cohnii*, *S. haemolyticus*, *S. lugdunensis* e *S. lentus*. Esses resultados evidenciam que o gene *femA* é uma região conservada no gênero *Staphylococcus* não sendo considerado um marcador específico e universal para a identificação de *S. aureus*.

Agradecimentos: FUNCAP e EMBRAPA.**Palavras-chaves:** Identificação, Intoxicação, Patógenos, PCR, Produtos lácteos