

RESUMO

Os ribossomos bacterianos possuem três tipos de rRNA: 23S, 16S e 5S; codificados por genes organizados em operons separados por regiões espaçadoras intergênicas (ISRs), que contém um ou mais genes de tRNA. A informação genética derivada do operon do rRNA fornece uma informação taxonômica valiosa, visto que as ISRs, especialmente as que estão localizadas entre as regiões 16S e 23S dos rDNAs, sofrem menor pressão evolucionária, e assim apresentam maior variação genética que as regiões que codificam os rRNAs. A ribotipagem vem sendo aplicada com sucesso para detectar polimorfismos genéticos entre bactérias. Neste trabalho, analisamos o perfil de amplificação das ISRs obtidos por PCR de amostras de *Staphylococcus aureus*, *Providencia alcalifaciens* e das três espécies patogênicas do gênero *Yersinia*, utilizando “primers” desenhados com base em sequências complementares das regiões conservadas 16S e 23S dos genes de rRNA de várias espécies bacterianas. Os padrões de amplificação das ISRs mostraram-se característicos para cada gênero e espécie. Sete perfis de ribotipagem foram observados nas cepas de *S. aureus* e trinta e quatro perfis foram mostrados em *P. alcalifaciens*, evidenciando polimorfismo genético nestas espécies. As cepas de *Y. pestis* e *Y. pseudotuberculosis* analisadas exibiram o mesmo padrão de amplificação, enquanto que as amostras de *Y. enterocolitica* mostraram quatro padrões distintos. Os perfis obtidos foram analisados através das técnicas de sequenciamento e perfil de restrição. Os resultados confirmam a alta homologia entre *Y. pestis* e *Y. pseudotuberculosis* que é atribuída a evolução de *Y. pestis*, que se supõe um clone derivado de *Y. pseudotuberculosis*.

Palavras chave: Ribotipagem; *Staphylococcus aureus*; *Providencia alcalifaciens*; *Yersinia*.

ABSTRACT

Bacterial ribosomes carry three types of rRNA: 23S, 16S and 5S encoded in genes organized in operons separated by intergenic spacer regions (ISRs) containing one or more tRNA genes. The genetic information derived from the rRNA operon provides a valuable taxonomic information, since the ISRs, especially those located between the 16S and 23S regions of the rDNAs, suffer lesser evolutionary pressure, then they present greater genetic variation than the regions encoding for the rRNAs. Ribotyping has been applied successfully to detect genetic polymorphism among bacteria. In this work, we analyzed the amplification profile of the ISRs obtained by PCR using primers drawn to complementary sequences of the conserved regions 16S-23S of the rRNA genes from several bacteria species in samples of *Staphylococcus aureus*, *Providencia alcalifaciens* and the three pathogenic species of *Yersinia*. The amplification patterns of the ISRs obtained revealed to be characteristic for each genus and species. Seven ribotyping profiles had been observed among the *S. aureus* strains studied and thirty four profiles in *P. alcalifaciens* evidencing great genetic polymorphism in these species. The strains of *Y. pseudotuberculosis* and *Y. pestis* analyzed displayed the same amplification profile which was different from the *Y. enterocolitica* profile. Four distinct ribotyping profiles were observed in the *Y. enterocolitica* strains analyzed. The profiles obtained from the three species had been analyzed by sequencing and restriction. The results confirmed the high homology between *Y. pseudotuberculosis* and *Y. pestis*, attributed to the *Y. pestis* evolution, supposed to be a clone derived from *Y. pseudotuberculosis*.