

## APLICAÇÃO DA FERRAMENTA RANDOM AMPLIFIED POLYMORPHIC DNA – POLYMERASE CHAIN REACTION (RAPD-PCR) NA CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE BACTERÍOFAGOS DE *KLEBSIELLA* SPP.

V Seminário de Pesquisa, Inovação e Pós-Graduação da Universidade Federal de Uberlândia (Iniciação Científica), 1ª edição, de 04/11/2025 a 13/11/2025  
ISBN dos Anais: 978-65-5465-171-4

REIS; Lara Silva<sup>1</sup>, SOUZA; Pedro Antonio Moraes<sup>2</sup>, FUNAGOSHI; Stephanie Akemi Funagoshi<sup>3</sup>, SOUZA; Tatiana Maria Lopes Canuto de Souza<sup>4</sup>, ROYER; Sabrina Royer<sup>5</sup>, BATISTÃO; Deivid William da Fonseca Batista<sup>6</sup>, YOKOSAWA; Jonny Yokosawa<sup>7</sup>

### RESUMO

A resistência bacteriana aos antibióticos representa um dos maiores desafios da saúde pública, causando milhares de óbitos anualmente. Assim, torna-se necessário o desenvolvimento de terapias alternativas, como a fagoterapia, que utiliza bacteriófagos (vírus altamente específicos para bactérias) para a lise de bactérias causadoras de infecção. Este trabalho objetivou caracterizar molecularmente dez fagos previamente isolados de efluentes do Rio Aricanduva (SP), utilizando duas cepas hospedeiras: *Klebsiella quasipneumoniae* e *Klebsiella pneumoniae* 2010. Foi utilizada a técnica *Random Amplified Polymorphic DNA – Polymerase Chain Reaction* (RAPD-PCR), que permite analisar a diversidade genética por meio da produção de diferentes perfis moleculares quando submetidos a eletroforese. Amostras com perfis eletroforéticos semelhantes apresentam certo grau de parentesco filogenético, podendo pertencer ao mesmo gênero, família ou espécie. A técnica não requer conhecimento prévio do genoma, utilizando primers curtos para amplificar segmentos distintos do DNA. Os DNAs dos dez fagos foram extraídos conforme o “Protocol 11: extraction of bacteriophage  $\lambda$  DNA from large-scale cultures using proteinase K and SDS” (Sambrook & Russell, 2001), quantificados e submetidos à RAPD-PCR com o primer OPL5. Após eletroforese em gel de agarose, identificaram-se três perfis genéticos distintos: quatro fagos de *K. quasipneumoniae* apresentaram perfis similares entre si, e um perfil distinto dos demais; cinco fagos de *Klebsiella sp.* formaram outro grupo semelhante entre si, sugerindo parentesco. A pesquisa faz parte de um projeto maior. Os fagos serão submetidos a outros experimentos, como Microscopia Eletrônica de Transmissão (caracterização morfológica) e testes contra biofilmes bacterianos de cepas multirresistentes para estudo de seu potencial terapêutico.

**PALAVRAS-CHAVE:** Técnica RAPD, Tipagem molecular, *Klebsiella*, Biologia molecular, bacteriófagos

<sup>1</sup> 1- Laboratório de Microrganismos do Cerrado (LAMICE), Departamento de Microbiologia, Instituto de Ciências Biomédicas (ICBIM). Universidade Federal de Uberlândia (UFU), Uberlândia, Brasil; lara\_reis@ufu.br

<sup>2</sup> 1- Laboratório de Microrganismos do Cerrado (LAMICE), Departamento de Microbiologia, Instituto de Ciências Biomédicas (ICBIM). Universidade Federal de Uberlândia (UFU), Uberlândia, Brasil; 2- Programa de Pós-Graduação em Microbiologia. ICBIM/UFU; pedro.ozonio@ufu.br

<sup>3</sup> 1- Laboratório de Microrganismos do Cerrado (LAMICE), Departamento de Microbiologia, Instituto de Ciências Biomédicas (ICBIM). Universidade Federal de Uberlândia (UFU), Uberlândia, Brasil; 2- Programa de Pós-Graduação em Microbiologia. ICBIM/UFU; stephanie.akemi@ufu.br

<sup>4</sup> 1- Laboratório de Microrganismos do Cerrado (LAMICE), Departamento de Microbiologia, Instituto de Ciências Biomédicas (ICBIM). Universidade Federal de Uberlândia (UFU), Uberlândia, Brasil; tatianacanuto@ufu.br

<sup>5</sup> 3- Laboratório de Microbiologia Molecular (MICROMOL). ICBIM/UFU; sabrina.royer@ufu.br

<sup>6</sup> 4- Departamento de Clínica Médica da Faculdade de Medicina (FAMED) UFU. dbatistao@ufu.br

<sup>7</sup> 1- Laboratório de Microrganismos do Cerrado (LAMICE), Departamento de Microbiologia, Instituto de Ciências Biomédicas (ICBIM). Universidade Federal de Uberlândia (UFU), Uberlândia, Brasil; jonny.yokosawa@ufu.com