



Tipo	Periódico
Título	Selection and validation of reference genes suitable for gene expression analysis by Reverse Transcription Quantitative real-time PCR in <i>Acinetobacter baumannii</i>
Autores	Paloma Aparecida Alves de Oliveira; Juliana Baboghlian; Clarissa Orandina Aparecida Ramos; Alquiandra Stefani Ferreira Mançano; Andréia de Melo Porcari; Raquel Girardello; Lúcio Fábio Caldas Ferraz
Autor (es) USF	Paloma Aparecida Alves de Oliveira; Juliana Baboghlian; Clarissa Orandina Aparecida Ramos; Alquiandra Stefani Ferreira Mançano; Andréia de Melo Porcari; Raquel Girardello; Lúcio Fábio Caldas Ferraz
Autores Internacionais	Nenhum
Programa/Curso (s)	Programa de Pós-Graduação Stricto Sensu em Ciências da Saúde
DOI	http://dx.doi.org/10.1038/s41598-024-51499-5
Assunto (palavras chaves)	<i>Acinetobacter baumannii</i> ; PCR em Tempo Real; Controle Endógeno; Resistência a Antimicrobianos
Idioma	Inglês
Fonte	Título do periódico: Scientific Reports ISSN: Volume/Número/Paginação/Ano: 14/3830/2024
Data da publicação	Fevereiro de 2024
Formato da produção	Impressa ou digital
Resumo	<i>Acinetobacter baumannii</i> é uma bactéria Gram-negativa considerada um patógeno emergente multirresistente. Além disso, essa bactéria pode sobreviver em condições ambientais extremas, o que a torna uma causa frequente de surtos de infecção nosocomial. As análises de expressão gênica por PCR quantitativa em Tempo Real (RT-qPCR) dependem de um gene de referência, também chamado de gene endógeno, que é usado para normalizar os dados gerados e, assim, garantir uma análise precisa com erros mínimos. Atualmente, as análises de expressão gênica em <i>A. baumannii</i> estão comprometidas, pois não há relatos na literatura descrevendo a identificação de genes de referência validados para uso em análises de RT-qPCR. Por esse motivo, selecionamos doze genes de referência candidatos de <i>A. baumannii</i> e avaliamos seu perfil de expressão sob diferentes condições experimentais e de cultura. A estabilidade da expressão dos genes candidatos foi avaliada usando algoritmos estatísticos como <i>BestKeeper</i>, <i>geNorm</i>, <i>NormFinder</i>, <i>Delta CT</i> e <i>RefFinder</i>, a fim de identificar os genes de referência candidatos mais adequados para análises de RT-qPCR. As análises estatísticas indicaram os genes <i>rpoB</i>, <i>rpoD</i> e <i>fabD</i> como os mais adequados para garantir a normalização precisa dos dados de RT-qPCR em <i>A. baumannii</i>. A eficiência dos genes de referência propostos foi validada usando-os para normalizar a expressão do gene <i>ompA</i>, que codifica a proteína A da membrana externa, em <i>A. baumannii</i> sensível e resistente ao antibiótico polimixina. O presente trabalho fornece genes de referência adequados para a normalização precisa dos dados de RT-qPCR em futuros estudos de expressão gênica com <i>A. baumannii</i>.
Fomento	FAPESP e CAPES