

124

PERFIL GENÉTICO DE AMOSTRA DE ESCHERICHIA COLI PATOGÊNICA PARA AVES (APEC) ISOLADAS DE AMOSTRAS DE LESÕES DE CELULITE E CAMA DE FRANGO DE CORTE. José Roberto Henrique Bastos, Carlos Tadeu Pippi Salle (orient.) (UFRGS).

A *Escherichia coli* que por muito tempo foi esquecida como potencial patógeno, começa a ser vista sobre nova óptica devido aos prejuízos econômicos gerados durante o ciclo de produção. A condenação total ou parcial de carcaças nas plantas de abate tem como uma das principais causas a contaminação por *E. coli*, sendo que as lesões cutâneas de celulite são responsáveis por grande parte dos prejuízos causados por esta bactéria. A *E. coli* é um componente da microbiota natural, entretanto, de 10 a 15% podem ser potencialmente patogênicas. Acredita-se que os mecanismos de virulência das amostras de *E. coli* sejam de origem multifatorial, assim sendo, o conhecimento da genética bacteriana capaz de gerar tais mecanismos, pode auxiliar na identificação de amostras patogênicas isoladas de aves. Entre os mecanismos mais estudados estão: capacidade de adesão, fimbria P (*papC*) e fimbria F11 (*felA*); produção de colicinas (*cavC*); presença de aerobactina (*iutA*); resistência sérica (*iss*); hemaglutinina temperatura sensível (*tsh*); e presença dos antígenos capsulares K1 e K5 (*kpsII*). Neste trabalho foram testadas 238 amostras de *E. coli*, provenientes de cama (78) e lesões de celulite (160) dos mesmos lotes, para a detecção de sete genes de virulência, através da Reação em Cadeia de Polimerase (PCR). Em seis genes, *papC*, *cavC*, *iutA*, *iss*, *tsh* e *kpsII* foi detectada diferença estatisticamente significativa entre os isolados de lesões de celulite e cama. (BIC).