

181

DETECÇÃO DOS FATORES DE VIRULÊNCIA DE AMOSTRAS DE ESCHERICHIA COLI PATOGENICAS PARA AVES ATRAVÉS DE MULTIPLEX-PCR. *Everton Eilert Rodrigues, Silvio Luis da Silveira Rocha, Carlos Tadeu Pippi Salle, Felipe de Oliveira Salle, João Pereira Guahyba*

Bisneto, Diana Bertani Giotto, Hamilton Luiz de Souza Moraes (orient.) (UFRGS).

A *Escherichia coli* é uma bactéria anaeróbia facultativa, pertencente a microbiota normal do trato intestinal de animais e homens. A infecção por *E. coli* (colibacilose) está entre as principais doenças da avicultura industrial moderna, causando grandes prejuízos econômicos na produção mundial. As cepas patogênicas de *E. coli* para aves (APEC) apresentam fatores de virulência que devem ser identificados para avaliação dos atributos que determinam o potencial de patogenicidade e auxiliam no controle, prevenção e tratamento das doenças ocasionadas ou agravadas pela bactéria. O objetivo deste trabalho foi identificar 7 genes associados aos fatores de virulência das amostras de *E. coli* a partir de isolamento bacteriano através da técnica de Multiplex-PCR (m-PCR). Foram analisadas 130 amostras de *E. coli* isoladas de frangos com lesões de celulite, quadros respiratórios e de cama aviária provenientes de 3 empresas avícolas do RS. Os fatores de virulência e os genes envolvidos nos mecanismos de patogenicidade identificados foram: capacidade de adesão pela fímbria P (papC) e fímbria F11 (felA), produção de colicinas (cvaC), presença de aerobactina (iutA), presença de antígenos capsulares K1 e K5 (kpsII), resistência sérica (iss) e hemaglutinina sensível à temperatura (tsh). De acordo com a similaridade entre as condições da PCR para cada gene, foram desenvolvidos dois protocolos duplex-PCR e um triplex-PCR. A identificação dos fatores de virulência de amostras de APEC pelo m-PCR produziu na mesma reação, a amplificação simultânea de diferentes seqüências de DNA dos genes descritos para cada multiplex, tornando mais rápido o diagnóstico aliado ao menor custo com reagentes. Os resultados obtidos reproduziram os mesmos que haviam sido obtidos anteriormente por PCR, confirmando a vantagem e o uso desta técnica. (CNPq).