

345

ANÁLISE MOLECULAR POR MACRORESTRIÇÃO DE DNA DE ORNITHOBACTERIUM RHINOTRACHEALE. *Fernanda Simone Marks, Marisa Macagnan, André Felipe Streck, Clarissa Silveira Luiz Vaz, Claudio Wageck Canal (orient.) (UFRGS).*

Ornithobacterium rhinotracheale (ORT) é uma bactéria pertencente à rRNA superfamília V, sendo conhecidos até o momento 18 sorotipos. A ORT causa uma infecção emergente na avicultura industrial, que pode provocar doença respiratória, menor desenvolvimento corporal, mortalidade, condenação de carcaças e queda de postura. Esta bactéria tem sido relatada no Brasil desde 1998 e, a partir disso, nosso grupo de pesquisa vem desenvolvendo trabalhos que buscam determinar a presença e caracterizar geneticamente e fenotipicamente esse patógeno no Brasil. O objetivo deste trabalho foi a caracterização molecular de 27 isolados de ORT de origem aviária através de análise de macrorestrição de DNA ou *Pulsed-field gel electrophoresis* (PFGE) e a comparação com resultados anteriores utilizando sorotipificação e *Single-amplified fragment length polymorphism* (SAFLP). A análise de PFGE identificou 11 diferentes padrões de macrorestrição, sendo que o mais prevalente foi o padrão denominado de B com 29, 6% (8 amostras) dos isolados. A PFGE foi capaz de gerar um maior número de padrões em comparação com o SAFLP (6 padrões) e a sorotipificação (3 padrões). Estes resultados permitirão determinar as amostras mais indicadas para utilização em vacinas, além de, as técnicas descritas poderem ser utilizadas para estudo da epidemiologia deste patógeno. Este trabalho constitui-se no primeiro relato de determinação da variabilidade genética de ORT, isolada no Brasil, através da técnica de PFGE. (PIBIC).