

A pleuropneumonia suína, causada pela bactéria *Actinobacillus pleuropneumoniae* (APP), e a doença de Glässer, causada pela bactéria *Haemophilus parasuis* (HPS), são enfermidades amplamente distribuídas no rebanho suíno mundial, de ocorrência frequente, causadoras de prejuízos econômicos significativos. Cada um destes agentes possui 15 sorotipos conhecidos, os quais podem apresentar reações cruzadas em testes diagnósticos, numa mesma espécie bacteriana, dificultando a sorotipificação. Diversos métodos foram propostos para auxiliar a sorotipificação do *A. pleuropneumoniae*, sendo um destes a identificação dos genes para as toxinas Apx (*Actinobacillus pleuropneumoniae* RTX toxins) através de PCR. Porém, apesar de auxiliar a sorotipificação, o método não é capaz de diferenciar amostras de campo.

A determinação do sorotipo de ocorrência em um dado surto e/ou região é importante na promoção da profilaxia, mas não é a única exigência para um efetivo controle. Em razão da diversidade genética e da diferença na virulência entre as amostras, mesmo em amostras de um mesmo sorotipo, é necessária a pesquisa de métodos que possam diferenciar as amostras de campo e amostras de mesmo sorotipo. O objetivo deste trabalho é o de padronizar técnicas de biologia molecular que visam genotipificar o *A. pleuropneumoniae* e o *H. parasuis*.

O método que está sendo padronizado utiliza o ERIC-PCR (REP-PCR), que é baseado na amplificação de sequências de consenso presentes em elemento palindrômicos repetitivos (REP – *repetitive extragenic palindromic*). Essas sequências são altamente conservadas e inespecíficas, permitindo a diferenciação das cepas, inclusive amostras de mesmo sorotipo. Os experimentos indicam boa reprodutibilidade entre amostras em duplicata e distinção efetiva dos diferentes sorotipos e amostras de campo.

Na continuidade, o padrão de amplificação do DNA dos diferentes sorotipos padrão testados (genotipificação) será usada para a caracterização de amostras de campo não sorotipificadas. A conclusão da pesquisa mostra grande utilidade para a implantação de protocolos de profilaxia e controle das doenças. De maneira complementar, também será determinada, por PCR, a presença dos genes que codificam para as toxinas Apx das diferentes amostras de *A. pleuropneumoniae*.