

054

**DIFERENCIAÇÃO MOLECULAR DE MYCOPLASMA GALLISEPTICUM (MG).** *Diego Hepp, Keli Cristina dos Santos Simões, André Salvador Kazantsky Fonseca, Vagner Ricardo Lunge, Maricarmem Garcia, Edmundo Kanam Marques, Nilo Ikuta (orient.)* (Programa de Pós-Graduação em Diagnóstico Genético, Campus Canoas, ULBRA).

*Mycoplasma gallisepticum* (MG) é patógeno de perus e galinhas e está relacionado com diminuição da produção e qualidade de ovos, má eclodibilidade, queda da eficiência alimentar, altas taxas de mortalidade e condenação de carcaças. Esta bactéria tem sido isolada de várias espécies de aves como codornas (*Coturnix coturnix japonica*), faisões (*Phasianus colchicus*) e mais recentemente de surtos de pássaros ornamentais com conjuntivite (*Carpodacus mexicanus*, *Carduelis tristis*). Este trabalho objetivou diferenciar cepas de *Mycoplasma gallisepticum* isolados de perus, galinhas e pássaros ornamentais através da comparação entre seqüências de genes de antígenos de superfície. Analisou-se 10 cepas de referência, 6 isolados de galinhas, 9 isolados de perus e 5 isolados de pássaros ornamentais com conjuntivite. Foram escolhidos 3 genes relacionados com antígenos de superfície (citoadesina -MG1, lipoproteína - LP e a proteína de fase variável - PvpA) que foram amplificados pela Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) e posteriormente seqüenciados. A análise dos 3 genes permitiu diferenciar todas cepas de referência além de estabelecer um estudo filogenético com os distintos isolados. Os isolados de pássaros ornamentais com conjuntivite apresentaram alto grau de identidade nas seqüências analisadas e distinção dos MG isolados de perus e galinhas. Foram encontrados 5 isolados de perus e 2 de galinhas, que apresentaram respectivamente seqüências idênticas às cepas vacinais 6/85 e TS11. Há evidências de que estes isolados possam estar relacionados com cepas vacinais, de uso freqüente na avicultura comercial. Os demais isolados não apresentaram identidade entre si ou mesmo com as cepas de referência formando os demais grupos descritos. Este trabalho demonstrou que a comparação de seqüências de genes relacionados com antígenos de superfície é um parâmetro eficiente para discriminação de cepas de MG.