



Evento	Salão UFRGS 2014: SIC - XXVI SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2014
Local	Porto Alegre
Título	Análise de fatores de virulência de isolados de Escherichia coli de lotes de produção de aves no Brasil
Autor	SILVIA DE CARLI
Orientador	NILO IKUTA
Instituição	Universidade Luterana do Brasil

A *Escherichia coli* (*E. coli*) é uma bactéria comensal presente no trato intestinal das aves, mas que eventualmente pode invadir outros tecidos resultando em manifestações sistêmicas (quadro clínico conhecido como colibacilose). Esta doença ocorre somente quando a cepa infectante de *E. coli* apresenta fatores de virulência (FVs) que possibilitem a adesão e multiplicação no hospedeiro. Desta forma, é importante a diferenciação entre isolados comensais (AFEC, de *avian fecal E. coli*) e patogênicos (APEC, *avian pathogenic E. coli*). Estudos prévios (realizados nos Estados Unidos) analisaram a ocorrência de FVs em amostras de *E. coli* isoladas de aves com colibacilose, demonstrando elevada frequência de dez genes (*cvaC*, *iroN*, *iss*, *iutA*, *sitA*, *tsh*, *fyuA*, *irp2*, *ompT* e *hlyF*) nas cepas patogênicas. O presente estudo teve como objetivo avaliar a ocorrência e frequência destes FVs em isolados de *E. coli* de aves de granjas de produção comercial do Brasil. Foram obtidos 138 isolados de *E. coli* provenientes de 40 lotes de matrizes de frango, 34 de poedeiras e 64 de perus das principais regiões de produção industrial de aves do país. Os isolados são provenientes de coletas de diferentes órgãos (baço, fígado, rim, traquéia/pulmões, pele, ovário/oviduto, intestino/cloaca), de materiais ambientais (swabs de fundo de caixas de pintos) e até mesmo de lesões cutâneas de carcaças de aves. As amostras foram submetidas à extração de DNA pelo método de adsorção em sílica com reagentes comerciais NewGene (Simbios Biotecnologia, Cachoeirinha, RS, Brasil). Os dez FVs foram submetidos à amplificação pela reação em cadeia da polimerase (PCR) e a análise realizada através da eletroforese em gel de poliacrilamida corado com nitrato de prata. Também foram selecionadas amostras aleatórias para sequenciamento com a finalidade de verificar a identidade das cepas circulantes no Brasil com as norte-americanas. Todos os dez FVs foram detectados nos isolados de *E. coli* analisados, mas com frequências variáveis. Os FVs mais frequentemente encontrados foram *hlyF* e *sitA* (ambos em 95 isolados, 68,8%) e *ompT* (94, 68,1%), enquanto que os menos frequentes foram *fyuA* (60, 43,5%), *cvaC* (58, 42%) e *irp-2* (55, 39,9%). O sequenciamento dos produtos de PCR de 197 genes provenientes de 138 amostras demonstrou alto grau de similaridade (acima de 98%) com as respectivas sequências de isolados de referência de APEC. Além disso, 79 dos isolados brasileiros foram classificados como patogênicos (APEC) e 59 como comensais (AFEC), conforme critérios previamente estabelecidos. Estes dados permitem concluir que os principais FVs das cepas de *E. coli* também estão presentes em isolados associados à colibacilose no Brasil. A análise deste conjunto de FVs também possibilitou a diferenciação entre cepas patogênicas e comensais no nosso país.