

*Mycoplasma synoviae* (MS) é uma bactéria patogênica para aves. As agroindústrias avícolas possuem programas de biossegurança com monitoramento laboratorial para manutenção dos lotes livres de MS. Eventuais episódios de disseminação podem ocorrer e trazem prejuízos importantes para toda a cadeia produtiva. A imunização com cepas vivas é o recurso veterinário neste tipo de situação e uma vacina comercial com uso da cepa MS-H (Mycovax®, Merial Brasil) tem sido crescentemente utilizada, principalmente em granjas de aves poedeiras. Entretanto existe uma dificuldade técnica no acompanhamento laboratorial da efetividade dos programas de vacinação, pois as técnicas atuais não possibilitam identificar a cepa MS-H nos lotes vacinados. Estudos prévios demonstraram ampla diversidade do gene da hemaglutinina (*vlhA*) de MS de diferentes locais do mundo, permitindo a caracterização de isolados com a análise deste gene. O presente estudo objetivou realizar a análise da região polimórfica do gene *vlhA* da cepa vacinal MS-H e amostras de campo de MS encontradas em lotes de aves comerciais do Brasil usando a técnica de reação em cadeia da polimerase com subsequente digestão com enzimas de restrição (PCR-RFLP). Inicialmente foram obtidas as seguintes amostras: 13 isolados de referência de MS (cedidos pelo laboratório de pesquisa de micoplasmas *Poultry Diagnostic and Research Center*, Athens, Georgia, Estados Unidos), 10 culturas de MS isoladas no Sul do Brasil (entre 2005 e 2008), 35 amostras de campo de MS obtidas a partir de lotes comerciais de 8 diferentes estados produtores do Brasil (entre 2010 e 2011) e uma amostra da vacina comercial MS-H (fornecida pela empresa Merial Brasil). Após foi realizada a extração do DNA pela metodologia de sílica e dupla amplificação pela reação em cadeia da polimerase (*nested-PCR*) da região variável do gene *vlhA* de todas as amostras. Os produtos da amplificação foram submetidos à digestão com duas enzimas de restrição (*Rsa* I e *Alu* I), previamente selecionadas com base no polimorfismo de seqüências do gene *vlhA* de MS disponíveis em banco de dados de genes (Genebank). Os padrões de restrição foram visualizados por eletroforese em gel de poliacrilamida e analisados comparativamente. Os resultados obtidos demonstraram a ocorrência de um grande número de padrões de restrição (10 para *Rsa* I e 15 para *Alu* I). Na comparação das amostras de campo, observou-se que cepas de MS de lotes de uma mesma região e/ou granja apresentaram, em geral, padrão idêntico. Adicionalmente verificou-se que a cepa MS-H apresentou um padrão bastante característico, sendo comum a apenas duas amostras de campo com o uso de *Rsa* I e a nenhuma outra amostra (de cultura ou de campo) com a enzima *Alu* I. Estes resultados demonstram que a técnica de PCR-RFLP pode ser útil na identificação específica da cepa vacinal MS-H. Novos estudos devem ser realizados para avaliar a efetividade da técnica na detecção de MS-H em lotes desafiados e no monitoramento de programas de vacinação.