

# CLASSIFICAÇÃO FILOGENÉTICA E CARACTERIZAÇÃO GENOTÍPICA DOS ISOLADOS DE *Escherichia coli* PATOGÊNICA AVIÁRIA (APEC) PROVENIENTES DE GALINHAS CAIPIRAS

## PHYLOGENETIC CLASSIFICATION AND GENOTYPICALLY CHARACTERIZATION OF AVIAN PATHOGENIC *Escherichia coli* (APEC) ISOLATED FROM BACKYARD CHICKENS

E. S. OLIVEIRA<sup>1\*</sup>, M. V. CARDOZO<sup>1</sup>, M. F. S. MONTASSIER<sup>1</sup>, M. M. BORZI<sup>1</sup>,  
F. A. ÁVILA<sup>1</sup>

### RESUMO

A *Escherichia coli* patogênica aviária (APEC) é incriminada por uma variedade de doenças extra-intestinais em aves, que podem causar tanto infecções localizadas, quanto generalizadas denominadas colibacilose. Os mecanismos de virulência têm sido continuamente estudados e considerados multifatoriais, assim sendo, o conhecimento da genética bacteriana capaz de gerar tais mecanismos, pode auxiliar na identificação de cepas patogênicas isoladas de aves. O presente trabalho foi delineado com o objetivo de investigar a distribuição de 17 genes de virulência em 72 cepas isoladas de galinhas caipiras pela PCR-multiplex e classificar-las nos grupos filogenéticos A, B1, B2 e D pela detecção de três marcadores de patogenicidade: *chuA*, *yjaA* e um fragmento anônimo de DNA designado TSPE4.C2. Todos os isolados apresentaram os genes *iss* (resistência sérica), *ompT* (protease de membrana externa) e *hlyF* (hemolisina F). A frequência dos demais genes foi 66,7% *cvaC*, 87,5% *iroN*, 88,9% *iutA*, 88,9% *sitA*, 29,2% *tsh*, 58,3% *iucC*, 83,3% *traT*, 72,2% *iucD*, 81,9% *fimH*, 38,9% *fyuA*, 77,8% *irp2*, 16,7% *vat*, 15,3% *astA* e 1,4% *papC*. A análise filogenética revelou que a maioria dos isolados pertence ao grupo filogenético B2 (39/72), seguido pelo grupo A (17/72), grupo B1 (14/72) e grupo D (2/72). Os isolados dos grupos filogenéticos B2 e D estiveram associados a um maior número de genes de virulência, apresentando uma média de 11,6 e 13,5 genes de virulência por isolado, respectivamente. Já os grupos filogenéticos A e B1 apresentaram 9,9 e 10,8 genes de virulência por isolado, respectivamente. A análise genotípica e filogenética mostrou uma heterogeneidade genética em relação ao repertório de virulência dos isolados analisados. Tais informações poderão nortear futuros trabalhos, que poderão ser desenvolvidos baseados nessas características iniciais, para a identificação de cepas virulentas e auxiliar no diagnóstico, tratamento e controle da colibacilose aviária.

**PALAVRAS-CHAVE:** APEC. COLIBACILOSE. GENES DE VIRULÊNCIA. GRUPOS FILOGENÉTICOS

**AGRADECIMENTOS:** FAPESP

**ÁREA TEMÁTICA:** Epidemiologia