

# CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE ISOLADOS DE ESCHERICHIA COLI PATOGENICA AVIÁRIA (APEC) ISOLADOS DE FRANGOS DE CORTE ABATIDOS EM SÃO PAULO

*Molecular characterization of Avian Pathogenic Escherichia coli (APEC) isolates from slaughtered broilers in São Paulo*

M.F. S. Montassier<sup>1</sup>, C. A. Borges<sup>1</sup>, E. S. Oliveira<sup>1</sup>, M. M. Borzi<sup>1</sup>, M. V. Cardozo<sup>1</sup>, R. P. Maluta<sup>2</sup>, H. J. Montassier<sup>1</sup>, F. A. De Ávila<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Department of Veterinary Patology, FCAV UNESP, Jaboticabal, Brazil

<sup>2</sup>Department of Genetics, Evolution and Bioagents, Institute of Biology, State University of Campinas (UNICAMP), Campinas, SP, Brazil

As doenças infecciosas continuam a ser as principais causas dos impactos econômicos mais graves em aves de produção, especialmente infecções causadas por APEC. Essas doenças resultam em perdas significativas para a indústria avícola devido ao retardo de crescimento e condenação de carcaças de frangos nos abatedouros.

O objetivo desse estudo foi caracterizar os perfis de virulência de estirpes de APEC isoladas de frangos de corte que apresentaram problemas ao abate.

Para tanto, um conjunto de 105 frangos de corte condenados ao abate foram amostrados em dois abatedouros da região Nordeste do Estado de São Paulo para a colheita de amostras de saco aéreo, suabes cloacais, coração e fígado, que foram submetidas inicialmente ao cultivo em meios seletivos e depois processadas por PCRs para detectar primeiramente a presença de 6 genes de virulência (VFs) na triagem e posteriormente de mais 16 genes VFs específicos.

Os resultados mostraram um total de 83 isolados APEC portando cinco dos seis FVs, foram recuperados a partir de todas as amostras coletadas desses frangos de corte (cvaC, hlyF, iss, iroN, ompT e iutA). Foi também encontrada uma frequência elevada ( $\geq 60\%$ ) do grupo adicional de 16 genes VFs, tais como ironN, iss, iucD, traT, fimH, tsh e astA nesses isolados APEC, sendo que alguns genes de virulência exibiram diferentes porcentagens de ocorrência para uma específica localização anatômica, tal como a frequência do gene tsh que foi maior em amostras de saco aéreo (92,6%), em comparação com as ocorrências desse gene em amostras de suabes de cloaca (16,7%), de coração (50,0%), ou de fígado (60,0%).

Concluindo, os nossos resultados indicaram que os frangos de corte provenientes desses planteis avícolas apresentam uma alta frequência de isolados APEC que portavam um conjunto relevante de genes VFs, o que pode aumentar significativamente a ocorrência e gravidade de colibacilose nestas aves.

Palavras-chave: COLIBACILOSE. EPIDEMIOLOGIA. FATORES DE VIRULÊNCIA.

Agradecimentos: FAPESP – Proc. 2013/11255-0

Área Temática: - Doenças Infecciosas

<sup>1</sup>Pós-doutoranda do Laboratório de Microbiologia Veterinária do Depto. de Patologia Veterinária, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - UNESP Jaboticabal, SP, Brasil. <sup>2</sup> Depto. de Patologia Veterinária, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - UNESP Jaboticabal, SP, Brasil. E-mail: [mariafsm@fcav.unesp.br](mailto:mariafsm@fcav.unesp.br)