



XXXIII SIC SALÃO INICIAÇÃO CIENTÍFICA

Evento	Salão UFRGS 2021: SIC - XXXIII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2021
Local	Virtual
Título	Classificação da subespécie e biovar de <i>Pasteurella multocida</i> e associação com genes de virulência
Autor	THUANNY MARTINS SANTANA SILVA
Orientador	THALES QUEDI FURIAN

Classificação da subespécie e biovar de *Pasteurella multocida* e associação com genes de virulência

Aluno: Thuanny Martins Santana Silva

Orientador: Thales Quedi Furian

Instituição de Ensino: Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS)

A ocorrência de surtos de doenças infecciosas é uma ameaça contínua para o setor avícola, especialmente quando envolve enfermidades de fácil disseminação, como as respiratórias, e agentes etiológicos que possuem diferentes hospedeiros. A Cólera Aviária apresenta estas características, contudo a patogenicidade dos isolados de *Pasteurella multocida* ainda está pouco elucidada. Tal diferenciação é fundamental, pois os membros do gênero *Pasteurella* são microrganismos oportunistas e podem habitar a mucosa do trato respiratório das aves sem causarem doenças. Desta forma, o objetivo deste trabalho foi determinar a subespécie e o biovar de 56 cepas de *P. multocida* isoladas de galinhas no Brasil e associar estas características fenotípicas com a presença de genes de virulência da bactéria. As cepas estocadas a -80°C foram reativadas em caldo BHI e incubadas a 37°C por 24 horas. Após, as amostras foram semeadas em ágar sangue a 5% e uma colônia foi selecionada para a realização de testes bioquímicos. As cepas foram classificadas quanto à subespécie (*multocida*, *septica* e *gallicida*) de acordo com a habilidade em fermentar os carboidratos sorbitol, ducitol e trealose e em um dos 13 biovars definidos conforme a fermentação do sorbitol, dulcitol, maltose, xilose, trealose, lactose e a presença de ornitina descarboxilase. Os biovars foram associados com a presença de 22 genes de virulência previamente pesquisados por PCR. 87,5% (49/56) das cepas foram classificadas na subespécie *multocida*, a qual é geralmente relacionada com casos da doença. O biovar 3 foi predominante, sendo identificado em 35,7% (20/56) das cepas. Nenhum gene apresentou diferença na sua distribuição conforme o biovar ($p>0,05$). Mesmo que represente uma informação epidemiológica relacionada ao hospedeiro, a discriminação em subespécies ou em biovars através da fermentação de carboidratos pode apresentar resultados variáveis e não foi observada uma associação com os genes de virulência pesquisados.