

Genotipificação de *Actinobacillus pleuropneumoniae* e *Haemophilus parasuis* através de métodos moleculares.

A pleuropneumonia suína, causada pela bactéria *Actinobacillus pleuropneumoniae* (APP), e a doença de Glässer, causada pela bactéria *Haemophilus parasuis* (HPS), são enfermidades amplamente distribuídas no rebanho suíno mundial, de ocorrência frequente, causadoras de prejuízos econômicos significativos. Cada um destes agentes possui 15 sorotipos, que podem apresentar reações cruzadas em testes diagnósticos, numa mesma espécie, dificultando a sorotipificação. A determinação do sorotipo de ocorrência em um dado surto e/ou região é fundamental na promoção da profilaxia. Sendo assim, são necessárias novas técnicas para sorotipificação destes agentes. O objetivo deste trabalho é o de padronizar técnicas de biologia molecular que visam genotipificar o APP e o HPS.

A primeira técnica utilizada foi o RAPD (*random amplified polymorphic DNA*). Inicialmente, foram utilizados os *primers* OPG-10 e OPG-19 (Operon Technologies). Entretanto, durante a padronização da técnica, foi concluído que há baixíssima reprodutibilidade.

O segundo método que está sendo padronizado utiliza o ERIC-PCR (REP-PCR), que é baseado na amplificação de sequências de consenso presentes em elementos palíndricos repetitivos (*REP-repetitive extragenic palindromic*). Essas sequências são altamente conservadas e específicas para os diferentes sorotipos. Os experimentos iniciais indicam que o método tem reprodutibilidade e a padronização está sendo concluída para ambos agentes.

Na continuidade, o padrão de amplificação do DNA dos diferentes sorotipos padrão testados (genotipificação) será usada para a caracterização de amostras de campo não sorotipificadas. A conclusão da pesquisa mostra grande utilidade para a implantação de protocolos de profilaxia e controle das doenças.