

Suelle Vencato Rodrigues¹; Thiago Moreira Tejkowski¹; Silvio Luis da Silveira Rocha¹; Carlos Tadeu Pippi Salle¹
¹ Centro de Diagnóstico e Pesquisa em Patologia Aviária – CDPA/UFRGS, Porto Alegre/RS

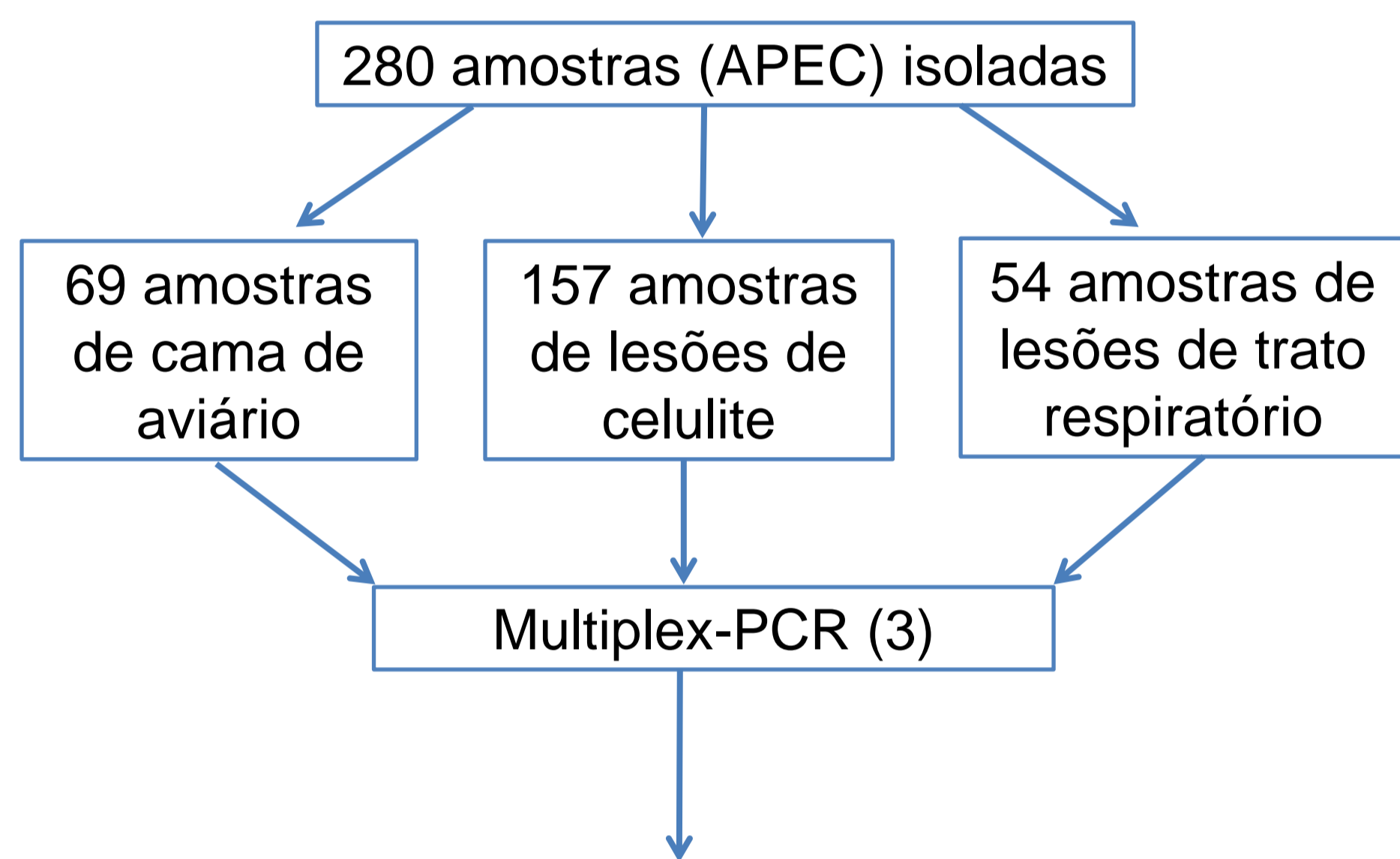


INTRODUÇÃO:

A *Escherichia coli* Patogênica Aviária (APEC) causa infecções extraintestinais em aves, que se manifestam na forma de infecção localizada (celulite) ou sistêmica (colibacilose), gerando grandes prejuízos econômicos para o setor avícola mundial. No trato digestivo das aves, a *Escherichia coli* pode ser encontrada em concentrações acima de 10⁶ unidades formadoras de colônia (UFC) por grama de fezes, sendo que 10 a 20% dessas amostras são potencialmente patogênica para os animais. A biologia molecular auxilia no melhor entendimento dos mecanismos da patogenicidade da *Escherichia coli* e cada vez mais, é demonstrado a grande importância da interação dos diversos fatores de virulência na determinação da sua patogenicidade. O objetivo deste trabalho é investigar a presença ou ausência de sete genes associados a virulência em amostras de APEC isoladas em granjas avícolas do estado do Rio Grande do Sul.

MATERIAIS E MÉTODOS:

A análise das amostras foi realizada conforme o esquema abaixo:

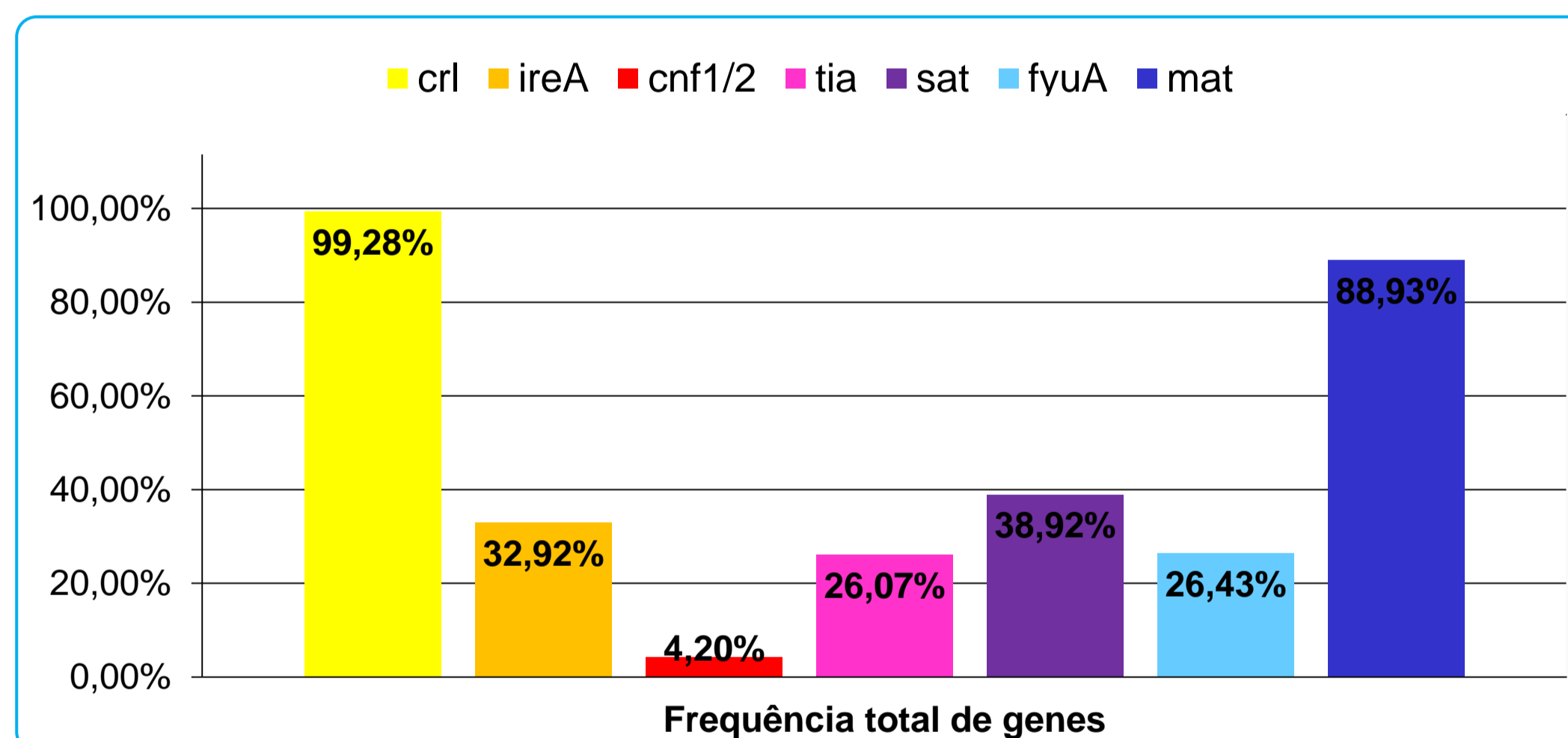


Função	Gene
Adesão	<i>crl</i> e <i>mat</i>
Invasão	<i>tia</i>
Aquisição de ferro	<i>ireA</i> e <i>fyuA</i>
Toxina	<i>cnf1/2</i> e <i>sat</i>

RESULTADOS E DISCUSSÃO:

A prevalência total dos genes pesquisados encontram-se no gráfico 1. Além disso, todos os isolados apresentaram pelo menos um gene de adesão, *crl* (99,28%) ou *mat* (88,93%), sendo que 100% dos isolados de quadros respiratórios apresentaram a adesina *crl*. Dentre os sete fatores de virulência investigados, os isolados apresentaram no mínimo um e no máximo sete, com uma média de 3 fatores de virulência por amostra, ao mesmo tempo, as médias dos isolados de cama de aviário, lesões de celulite e quadros respiratórios foram 2, 3 e 3 respectivamente.

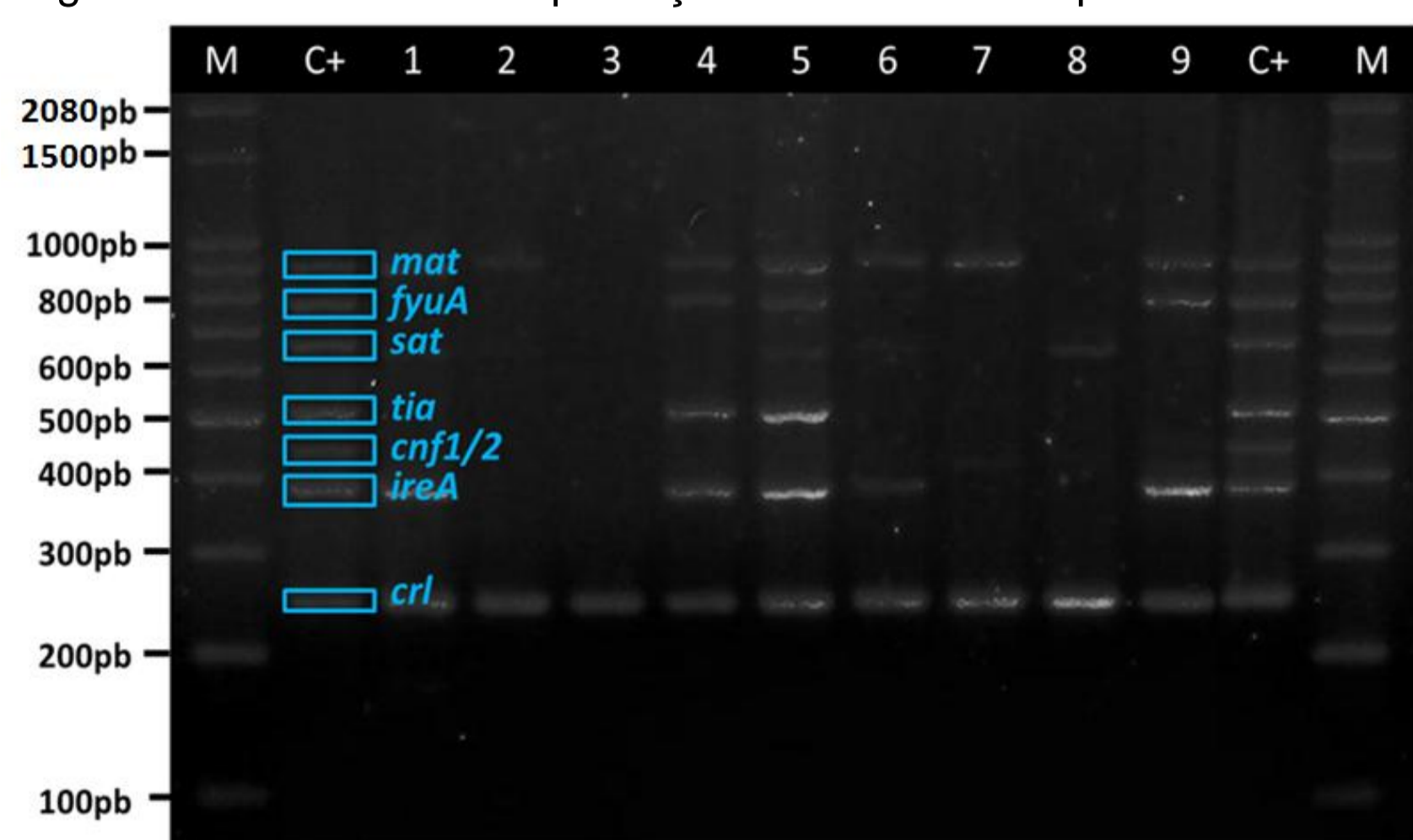
Gráfico 1: Prevalência total dos genes associados a virulência



RESULTADO E DISCUSSÃO:

O multiplex-PCR conseguiu amplificar os 7 genes associados a virulência investigados, conforme a figura 1.

Figura 1 – Produtos de amplificação do ensaios multiplex-PCR



M: Marcador de peso molecular. C+: controle positivo (pool de DNA das amostras NMEC IMT9267 e UPEC IMT1200 - amplificações: *crlA* [250 pb], *ireA* [384 pb], *cnf1/2* [446 pb], *tia* [512 pb], *sat* [667 pb], *fyuA* [774 pb] e *mat* [899 pb]. 1-9: amostras APEC.

A detecção de múltiplos genes que codificam fatores de virulência por multiplex-PCR é um eficiente método para identificação de várias características de amostras APEC e amostras comensais simultaneamente (1). Embora, existam muitos fatores associados à virulência de cepas APEC, ainda não foi possível definir as características desse patógeno. Os resultados encontrados neste estudo (prevalência dos genes e que cepas APEC apresentam pelo menos um fator relacionado à adesão) corroboram com estudos realizados por outros pesquisadores (2,3).

CONCLUSÃO:

Os resultados apresentados permitem um melhor conhecimento das características de virulência de amostras APEC isolados de granjas avícolas do Rio Grande do Sul, além disso, os mesmos servirão para elaboração de um modelo para prever a patogenicidade de cepas APEC com utilização de Inteligência Artificial, em especial as Redes Neurais Artificiais.

REFERÊNCIAS:

- BARNES, H. J.; NOLAN, L. K.; VAILLANCOURT, J. P. Colibacillosis. In: Calnek, B. D. (Ed.) **Diseases of poultry**. 12th ed. Ames: University Press, 2008. p. 691-738.
- BRITO, B. G.; GAZIRI, L. C. J.; VIDOTTO, M. C.; Virulence factors and clonal relationships among *Escherichia coli* strains isolated from broiler chickens with cellulitis; **Infection and Immunity**, Washington, v. 71, n. 7, p. 4175-4177, July 2003.
- EWERS, C. *et al.* Avian pathogenic, uropathogenic, and newborn meningitis-causing *Escherichia coli*: how closely related are they? **International Journal of Medical Microbiology**, Jena, v. 297, n. 3, p. 163-176, June 2007.