

**TÍTULO:** DETERMINAÇÃO DOS GRUPOS FILOGENÉTICOS DE *Escherichia coli* ISOLADAS DE AVES COMERCIAIS DO SUDESTE BRASILEIRO ENTRE 2020 E 2021

**AUTORES:** BARBOSA, F. B.; FRANCO, L. S.; ROCHA, V. G. P.; SANTOS, B. Q.; KNÖBL, T.

**INSTITUIÇÃO:** FACULDADE DE MEDICINA VETERINÁRIA E ZOOTECNIA DA UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO (AVENIDA PROFESSOR ORLANDO MARQUES DE PAIVA, 87, CIDADE UNIVERSITÁRIA, CEP 05508-270, SÃO PAULO – SP, BRASIL)

**RESUMO:**

A colibacilose aviária está associada à presença de estirpes de APEC (*Escherichia coli* patogênica para aves) e causa importante impacto econômico devido aos gastos com medicamentos, mortalidade de aves e condenação de carcaças em abatedouros. O objetivo deste trabalho foi determinar os grupos filogenéticos de *E. coli* isoladas de aves comerciais entre 2020 e 2021. Foram coletadas 90 amostras de fígado, sacos aéreos, coração e articulação, durante o exame de necropsia de aves comerciais com lesões sugestivas de colibacilose, na região sudeste, entre 2020 e 2021. As amostras foram enviadas em meio de transporte ao Laboratório de Medicina Aviária da FMVZ-USP. Foram isoladas 81 estirpes de *Escherichia coli*, identificadas com uso do MALDI-TOF. O DNA foi extraído pelo método de fervura. Para identificação de APEC foi utilizado PCR Pentaplex para detecção dos genes *iroN*, *ompT*, *hlyF*, *iss* e *iutA*. A determinação do grupo filogenético de Clermont foi baseada em uma PCR quadruplex para detecção dos genes *arpa*, *chuA*, *yjaA* e TSPE4.C2. Das 81 estirpes isoladas 51 (62,96%) eram APEC, sendo divididas nos grupos filogenéticos: B1 (29,41% n=15), B2 (21,56% n=11), A (11,77% n=4), E (11,77% n=4), F (5,88% n=3) e D (1,96% n=1). Um total de 17,65% (n=8) pertenciam a grupos desconhecidos. Analisando os isolados não virulentos (com menos de 4 genes de APEC) observamos que 36,66% (n=11) pertenciam ao grupo B1 e 3,34% (n=1) pertenciam ao grupo B2. De acordo com a literatura, os grupos A e B1 estão relacionados às estirpes comensais, enquanto os grupos B2 e D, em menor grau, estão relacionados às estirpes ExPEC patogênicas. Nossos resultados demonstram que a maior parte dos isolados foram agrupados em B1, agrupamento que reuniu tanto as estirpes de APEC como as estirpes não virulentas. Algumas estirpes não virulentas também foram classificadas no grupo B2, dificultando a interpretação dos resultados. A heterogeneidade do grupo APEC representa uma limitação no diagnóstico veterinário, se comparada aos demais grupos de ExPEC (UPEC e MNEC). Novos protocolos de diagnóstico molecular para a pesquisa de linhagens patogênicas, incluindo aqueles baseados na pesquisa de STs (Sequence Types) ou de sorogrupos, devem ser aprimorados como ferramentas rápidas de suporte diagnóstico para tomada de decisões nas granjas, uma vez que a determinação de grupos filogenéticos não foi suficiente para discriminar estirpes virulentas de APEC e comensais não virulentas, sendo ambas alocadas nos grupos B1 e B2.

**Palavras Chaves:** Colibacilose; Virulência; PCR

**Agência de Fomento:** Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).