



Anais do ABRAVES 2013

- Boas Vindas
- Congresso Abraves
- Fórum Suinocultura
- Feira Tecnológica
- Comissões
- Palestrantes
- Temas e Subtemas
- Trabalhos Científicos
- Programação Científica
- Programação Fórum
- Patrocinadores
- Fale Conosco



Trabalhos Científicos

PERFIL MOLECULAR DE ISOLADOS DE PASTEURELLA MULTOCIDA TIPO A PROVENIENTES DE LESÕES PNEUMÔNICAS EM SUÍNOS

Autores:

KLEIN, CS - Catia Silene Klein - Embrapa Suínos e Aves
 Rebelatto, R - Raquel Rebelatto - Embrapa Suínos e Aves
 Oliveira Filho, JX - João Xavier de Oliveira Filho - PPG Ciências Veterinárias, Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS)
 Bellaver, FAV - Franciana Aparecida Volpatto Bellaver - Embrapa Suínos e Aves
 Morés, MAZ - Marcos Antônio Zanella Morés - Embrapa Suínos e Aves
 Servelin, EC - Emanuelli Carla Servelin - Fundação Universidade do Contestado (FUNC)
 Silva, GB - Gilnei Bruno da Silva - Fundação Universidade do Contestado (FUNC)
 Morés, N - Nelson Morés - Embrapa Suínos e Aves

Tema:

1 - Saúde Suína

Modalidade de Aprovação:

Pôster

Arquivo do e-pôster:

[\[abrir\]](#)

INTRODUÇÃO: no Brasil, o isolamento bacteriológico (IBT) de *Pasteurella multocida* A de suínos com problemas respiratórios é elevado [4]. Este patógeno, considerado um oportunista [5], vem sendo associado com lesões pulmonares necróticas e hemorrágicas, observadas tanto em surtos de campo como em condições experimentais [3, 4]. Estudos moleculares podem trazer informações importantes sobre o possível papel de amostras de *P. multocida* A na patogênese de lesões pneumônicas. O objetivo deste trabalho é fazer a caracterização molecular para genes espécie-específica, de tipagem capsular e de virulência de isolados de *P. multocida* A obtidos de suínos de terminação de oito estados brasileiros.

MATERIAIS E MÉTODOS: foram analisadas 156 amostras de DNA obtidas de isolados de *P. multocida* A, provenientes de pulmões de suínos com pneumonia, coletados em granjas e em lotes de frigoríficos. Os IBT foram realizados em 2011 e 2012, nos estados de MG (41), RS (38), SP (18), SC (17), MT (14), PR (14), MS (11) e GO (3). A extração de DNA dos isolados foi realizada por choque térmico e o DNA extraído foi utilizado para realização de 2 PCRs multiplex. Uma PCR foi utilizada para detecção dos genes de tipagem capsular *hyaD-hyaC* (tipagem capsular A), *dcfB* (D), *fcfD* (F) e do gene *kmt1* (espécie-específica) [6] com pequenas modificações e outra PCR foi utilizada para detecção dos genes de virulência *toxA* (toxina dermonecrótica), *tbpA* (proteína de ligação da hemoglobina) e *hgbB* (mecanismos de aquisição de ferro) e *pfhA* (hemaglutinina filamentosa - fator de adesão bacteriana) [1]. Para confirmar a especificidade das técnicas, o DNA de um fragmento amplificado de cada gene foi sequenciado. As sequências obtidas foram submetidas à análise no banco de dados Genbank, utilizando a ferramenta BLAST.

RESULTADOS: na PCR multiplex para detecção dos genes espécie-específica e de tipagem capsular, 100% das amostras (156) foram positivas para o gene espécie-específica *kmt1*, 94,2% para tipagem capsular A (147/156), 5,8% para tipagem capsular D (9/156) e nenhuma amostra positiva para tipagem capsular F (0/156). As amostras positivas para tipagem capsular A, pertencem aos estados de MG (37), RS (36), SP (18), SC (17), PR (13), MT (13), MS (10) e GO (3) e as amostras positivas para tipagem capsular D aos estados de MG (5), RS (2), MT (1) e MS (1). Na PCR multiplex para detecção de fatores de virulência, 31,4% das amostras foram positivas para *pfhA* (49/156), 82,7% foram positivas para *hgbB* (129/156) e a associação positiva (presença de ambos os genes na mesma amostra) para estes genes foi de apenas 14%, com forte associação negativa (presença de um ou de outro gene na mesma amostra) entre eles de 86%. Nenhuma (0/156) das amostras apresentou resultado positivo para os genes *toxA* e *tbpA*. As amostras positivas para o gene *pfhA* pertencem aos estados do RS (18), MG (14), SC (6), MT (3) e GO/PR/MS/SP (2 isolados cada) e as amostras positivas para o gene

hgbB pertencem aos estados de MG (38), RS (22), SP (18), MT (14), SC (13), PR (13), MS (9) e GO (2). As sequências obtidas no sequenciador 3130xl Genetic Analyzer (Applied Biosystems) apresentaram compatibilidade com os genes em estudo, quando analisadas no Genbank.

DISCUSSÃO E CONCLUSÃO: os resultados mostram que todos os isolados em estudo correspondem a *P. multocida* e que o sorotipo capsular A é predominante. Em relação aos genes associados com a virulência, na maioria dos isolados detectamos a presença do gene hgbB, de acordo com o esperado. A alta prevalência de genes de aquisição de ferro, como importante fator de virulência, em *P. multocida*, bem como seu papel crucial na patogênese, sugere fortemente o uso destes isolados como atraentes candidatos para o desenvolvimento de vacinas [2]. Apesar destes isolados serem provenientes de lesões pneumônicas, não detectamos a presença do gene *tbpA*, que é relacionado como um importante fator de virulência em amostras provenientes de septicemia hemorrágica em bovinos [2], tampouco do gene *toxA* relacionado com lesões necróticas ocasionadas pela toxina dermonecrotica. Em concordância com Ewers [2], encontramos resultados similares quanto à presença de *pfhA*, relacionado à presença de hemaglutinina como um provável e importante fator de adesão bacteriana no trato respiratório. Entretanto, nossos achados diferem de Ewers [2] em relação à presença do gene *toxA*. Assim, estudos experimentais de patogenicidade em suínos, utilizando isolados positivos para diferentes genes de virulência, serão necessários para entender se tais fatores influenciam na sua patogenicidade, bem como a importância do uso destes genes como marcadores em estudos epidemiológicos. Conclui-se que o sorotipo capsular A é predominante nas lesões pneumônicas causadas por *P. multocida* em suínos e que os isolados apresentam diferenças em relação aos genes de virulência estudados.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS: 1. Atashpaz, S. et al. Rapid virulence typing of *Pasteurella multocida* by multiplex PCR. Res. Vet. Sci., v.87, p. 355-7, 2009. 2. Ewers, C. et al. Virulence genotype of *Pasteurella multocida* strains isolated from different hosts with various disease status. Vet. Microbiol., v. 114, 304–317. 2006. 3. Kich, J.D. et al. *Pasteurella multocida* tipo A atua como agente primário nos processos pneumônicos dos suínos? Comunicado técnico n. 469, Embrapa Suínos e Aves: Concórdia, 2007, 7p. 4. Mores, M.A.Z. Anatomopatologia e bacteriologia de lesões pulmonares responsáveis por condenações de carcaças em suínos. Curitiba, p. 91, 2006. [Dissertação PPG em Ciências Veterinárias-UFPR]. 5. Register, K.B. et al. Pasteurellosis. In: Zimmerman, J. et al. Diseases of Swine. 10 ed. Ames-USA: Wiley-Blackwell, 2012. P. 798-810. 6. Townsend, K.M. et al. Genetic Organization of *Pasteurella multocida* cap Loci and Development of a Multiplex Capsular PCR Typing System. Australia: J. Clin. Microb., v.39, p.924-9. 2001.

Palavras-chave: *Pasteurella multocida*, PCR multiplex, suínos.

Voltar para a listagem de Resumos

Promoção:



Realização:



Organização:

R. Américo Salgado, 727-
Quilombo, Cuiabá-MT
CEP: 78.043-420
Tel : (65) 3621-1314
| Faça contato aqui! |



Agência Oficial:



Patrocinadores (Maternidade)



Patrocinadores (Terminação)



Patrocinadores (Crescimento)



Apoio Institucional:



Desenvolvido por Zanda Múltímeios da Informação