

Poster (Painel)**2102-1 Caracterização genotípica de *Campylobacter* isoladas de diferentes integrações de frangos de corte**

Autores: Voss-Rech, D. (CNPISA - Embrapa Suínos e Aves) ; Vaz, C.S.L. (CNPISA - Embrapa Suínos e Aves) ; Pozza, J.S. (UNC - Universidade do Contestado) ; Silva, V.S. (CNPISA - Embrapa Suínos e Aves)

Resumo

Campylobacter temófilos é um dos patógenos mais frequentes na avicultura de corte. Lotes positivos não apresentam sinais clínicos ou perdas significativas na produção, porém a carne de frango é um veículo de transmissão da campilobacteriose ao homem. Estudos epidemiológicos e de rastreabilidade do patógeno são uma importante ferramenta para o aperfeiçoamento de medidas de controle na avicultura e, para os quais, o conhecimento da diversidade do patógeno é essencial. Foram analisadas 132 cepas de *Campylobacter jejuni* isoladas de três empresas distintas do sul do Brasil entre 2010 e 2011. Os isolados foram genotipificados pela macrorestrição de DNA por SmaI seguido de eletroforese em campo pulsado (PFGE). Os padrões de macrorestrição foram analisados pelo Bionumerics 6.1 (Applied Maths) com similitude calculada pelo coeficiente de Dice e dendograma gerado pelo UPGMA. A análise permitiu agrupar as amostras em 20 diferentes padrões de macrorestrição (genótipos) compostos por 6 a 13 bandas cada. Em uma das granjas avaliadas foram identificados quatro perfis genotípicos distintos circulantes nos três lotes amostrados, dos quais uma linhagem foi predominante. A predominância de uma determinada linhagem de *Campylobacter* em relação às demais, bem como a sua permanência entre lotes alojados no mesmo aviário já foi descrita, e sugere a existência de uma fonte comum de contaminação na granja. Quando comparadas as linhagens de *Campylobacter* isoladas nas três empresas, foi possível perceber um agrupamento das cepas conforme a origem, sendo os padrões observados característicos de cada empresa, já que não se repetem nas linhagens de outras integrações. Notou-se ainda que algumas linhagens de *Campylobacter* circulam em diferentes granjas comerciais, distantes entre si, mas pertencentes à mesma integração, então é possível que fatores individuais das empresas possam estar relacionados com a manutenção dessas cepas nos aviários. A genotipificação de *Campylobacter* indica que as aves podem ser colonizadas por diferentes subtipos da bactéria, assim como podem ocorrer diferenças na distribuição e dinâmica epidemiológica dessas linhagens entre lotes. Esse resultado sugere a necessidade de estudos voltados ao entendimento do ambiente como fonte de *Campylobacter* para os lotes de frangos de corte.