**ESTUDO DA RELAÇÃO FILOGENÉTICA ENTRE CEPAS DE *Mycoplasma gallisepticum* ISOLADAS DE PATOS-SELVAGENS (*Cairina moschata*) E CEPAS VACINAIS**

Figueira, AA1; Dias, TS²; Machado, LS²; Magalhães, BSN²; Silva, MM²; Costa, GA¹;

Abreu, DLC³; Nascimento, ER³; Pereira, VLA³.

1. Graduação em Med. Veterinária. Universidade Federal Fluminense - UFF, Niterói - RJ.

2. Pós-graduação em Med. Veterinária. Universidade Federal Fluminense - UFF, Niterói - RJ. 3. Docente do Departamento de Saúde Coletiva Veterinária e Saúde Pública (MSV), Faculdade de Veterinária. Universidade Federal Fluminense - UFF Niterói - RJ.

E-mail: arthurfigueira@id.uff.br

*Mycoplasma gallisepticum* (MG), dentre os micoplasmas aviários, é considerado o mais patogênico e de maior impacto na produção de aves. A infecção por MG ou *M. synoviae* em patos não provoca sinais clínicos como em galinhas, mas a doença subclínica que se instala dificulta o diagnóstico e possibilita a disseminação do agente. A prevenção contra os micoplasmas em avicultura de postura no Brasil é realizada pela adoção de medidas de biosseguridade e pelo uso de vacinas vivas comerciais, como MG-F, 6/85, ts-11 e MG-70. O objetivo deste estudo foi verificar a presença de MG em patos-selvagens de vida livre e analisar a relação filogenética dessas cepas com as cepas vacinais MG-F, 6/85 e ts-11. Foram coletadas, com *swabs*, amostras da traquéia de 82 patos-selvagens de vida livre, no RJ, e acondicionadas em microtubos com meio líquido de Frey modificado, mantidas sob refrigeração. A extração de DNA foi realizada pelo método de Sambrook & Russell (2006). A PCR para detecção de MG foi realizada segundo Uphoff & Drexler (2002). As amostras positivas foram purificadas pelo kit Illustra *GFX PCR DNA and Gel Band Purification* (*GE Healthcare LifeSciences*, EUA) e enviadas à Plataforma de Sequenciamento da FIOCRUZ, RJ. As sequências dos genes obtidas foram montadas em *contigs* com o *software* BioEdit® 7.0.5. A filogenia entre as cepas foi inferida com o método da Máxima Verossimilhança e o modelo Kimura de dois parâmetros, por meio do *software* MegaX. Dos espécimes analisados, sete foram positivos para MG à PCR (7/82). A presença de micoplasmas em patos selvagens de vida livre favorece a manutenção do patógeno nos ambientes pela existência de portadores subclínicos. As cepas de MG dos patos foram observadas como pertencentes ao mesmo *cluster* na árvore filogenética e as vacinais foram distintas tanto entre si, como em relação às cepas oriundas dos patos-selvagens. A presença de MG em *C. moschata* pode representar um desafio de campo para as aves de produção pela possibilidade de manutenção e disseminação do agente. Dada a importância da micoplasmose, são necessários estudos contínuos sobre a circulação de estirpes de MG entre aves selvagens de vida livre e as de produção, para avaliação epidemiológica e adoção de medidas de controle.

**Referências**

SAMBROOK, J.; RUSSELL, D. W. Purification of Nucleic Acids by Extraction with Phenol:Chloroform. **Cold Spring Harbor Protocols**, v. 2006, n. 1, p. 4455, jun. 2006.

UPHOFF, C. C.; DREXLER, H. G. Comparative PCR analysis for detection of *Mycoplasma* infections in continuous cell lines. **In Vitro Cellular & Developmental Biology - Animal**, v. 38, n. 2, p. 79–85, fev. 2002.