Medicina Veterinária

ANÁLISE GENOTÍPICA POR MULTILOCUS SEQUENCE TYPING – MLST DE 84 GENOMAS DE Staphylococcus aureus ISOLADOS DE MASTITE BOVINA

Sami KIllary Siqueira Rojas - 4º módulo de Ciências Biológicas (Bacharelado), UFLA, PIVIC

Eduarda Magossi Silva - Coorientadora, Pós-graduanda do Departamento de Medicina Veterinária, UFLA

Marcilene Daniel Damasceno - Pós-Graduanda do Departamento de Medicina Veterinária, UFLA

Amanda Carvalho Rosado Ferreira - Pós-graduanda do Departamento de Medicina Veterinária, UFLA

Carine Rodrigues Pereira - Professora do Departamento de Medicina Veterinária, UFLA. — carinepereira@ufla.br. Orientadora. - Orientador(a)

Elaine Maria Seles Dorneles - Professora do Departamento de Medicina Veterinária, UFLA. — elaine.dorneles@ufla.br

Resumo

A mastite bovina é uma enfermidade de suma importância, devido ao seu significativo impacto causado na pecuária leiteira e na saúde pública; um fator justificado pelas perdas econômicas acarretadas pelo caráter zoonótico do agente. A genotipagem de S. aureus via Multilocus Sequence Typing (MLST) permite a detecção, a identificação e as análises deste e de diversos outros microrganismos, juntamente da avaliação do perfil clonal de cepas isoladas de leite de vacas com mastite, visto que a técnica possui um bom nível de discriminação entre os isolados. Portanto, o objetivo deste trabalho foi a realização da genotipagem de 84 isolados de S. aureus oriundos de mastite bovina, coletados entre 1994 e 2016 de diferentes fazendas localizadas em distintos municípios dos estados de Minas Gerais, São Paulo, Rio de Janeiro e Goiás. Primeiramente, foi feita a extração de DNA das 84 amostras do patógeno, seguida pelo sequenciamento realizado através da plataforma Illumina Hiseq 2500. Em seguida, a qualidade destes sequenciamentos foi examinada pelo programa computacional FastQC e, posteriormente, foram feitas as montagens utilizando o montador Unicycler v.5.0. Para a avaliação da qualidade da montagem e das métricas, utilizou-se o programa Quast, enquanto a presença de contaminação foi verificada pelo pacote CheckM. Visando à redução dos números de gaps presentes nas montagens, utilizou-se os pacotes MeDuSa e Seqkit. Concluindo estas etapas, a análise genotípica por MLST foi realizada utilizando o programa MLST, possibilitando a identificação de STs para 78 isolados. Todavia, não foram atribuídos STs já conhecidos aos seis (6) isolados remanescentes, sendo estes inéditos. Das amostras com perfis atribuídos, observou-se uma variedade de 13 perfis de STs distintos, sendo o ST126, com 23 amostras, o mais abundante, apesar de não terem sido estabelecidas relações epidemiológicas entre os isolados deste grupo. Entretanto, foram observadas amostras que apresentam o mesmo perfil ST e a mesma origem, permitindo, consequentemente, a definição de vínculos epidemiológicos, pois tratam-se das mesmas cepas ou de correspondente cepa circulando na fazenda, entre os animais. Por fim, isto nos possibilita sustentar a fundamentalidade do MLST como ferramenta para a investigação da disseminação da Staphylococcus aureus causando mastite bovina em diversos municípios do país e qual o perfil mais prevalente nestas infecções.

Palavras-Chave: epidemiologia, genômica, Staphylococci.
Instituição de Fomento: FAPEMIG, CNPq

Link do pitch: https://www.youtube.com/watch?v=cWorvQzgufM