

Medicina Veterinária

## **Avaliação de genes relacionados à virulência microbiana de *Staphylococcus aureus* isolados de 84 amostras de mastite bovina**

Larissa Oliveira Souza - 7º módulo de Medicina Veterinária, UFLA, iniciação científica voluntária

Eduarda Moraes Magossi Silva - Discente do programa de pós graduação em Ciências Veterinárias, UFLA

Marcilene Daniel Damasceno - Discente do programa de pós graduação em Ciências Veterinárias, UFLA

Amanda Carvalho Rosado Ferreira - Discente do programa de pós graduação em Ciências Veterinárias, UFLA

Carine Rodrigues Pereira - Docente, DMV, UFLA

Elaine Maria Seles Dorneles - Orientadora, DMV, UFLA - Orientador(a)

### **Resumo**

A mastite bovina é uma importante enfermidade que ocasiona inflamação da glândula mamária, diminuindo o volume da produção e a qualidade do leite. O *Staphylococcus aureus* é um dos principais agentes etiológicos da mastite, e seus fatores de virulência propiciam a persistência e a intensidade da infecção da glândula mamária, podendo levar à perda da mama acometida ou o descarte do animal infectado. Dessa forma, o objetivo deste trabalho avaliar, através de análise genômica, a presença de genes de virulência em 84 amostras de *S. aureus* isoladas de mastite bovina, de fazendas localizadas em diferentes municípios de Minas Gerais, São Paulo, Rio de Janeiro e Goiás, coletadas entre os anos de 1994 e 2016, que já foram previamente caracterizadas. Foi feita a extração de DNA das 84 amostras de *S. aureus* e, em seguida, o sequenciamento através da plataforma Illumina Hiseq 2500. A qualidade do sequenciamento foi avaliada através do programa FastQC e a montagem das sequências foi feita utilizando o montador Unicycler v.5.0. Para avaliação da qualidade de montagem e métricas foi utilizado o programa Quast, e a presença de contaminação avaliada pelo pacote CheckM. Para reduzir os números de gaps presentes nas montagens foram utilizados os pacotes MeDuSa e Seqkit. Após estas etapas, foi identificada a presença dos genes de virulência utilizando o programa Abricate, com a base de dados Virulence Factor Database -VFDB. Como resultado, verificou-se a presença de 76 genes de virulência, dos quais 18 deles estão presentes em 100% das amostras. Dentre esses genes, 72,2 % (13/18) estão relacionados a hemólise (hly, hlyA, hlyB e hlyC), adesinas (icaA, icaB, icaC e icaD) e captação de ferro da hemoglobina (isdA, isdB, isdC, isdD, isdE, isdF e isdG). Estes genes identificados são fundamentais para a patogênese do *Staphylococcus aureus*, favorecendo uma infecção agressiva e persistente na glândula mamária colonizada. Dessa forma, conclui-se que a avaliação dos genes de virulência é fundamental para fornecer informações relevantes como a origem e a disseminação de cepas mais virulentas e a sua capacidade de compartilhar estes genes através de plasmídeos. Compreender esses mecanismos é fundamental para a compreensão da epidemiologia da mastite estafilocócica e traçar estratégias mais eficazes de controle e prevenção.

Palavras-Chave: genômica, patogênese, *Staphylococci*.

Instituição de Fomento: CNPQ, Fapemig

Link do pitch: <https://youtu.be/HwvGlbhXLEY>