

Medicina Veterinária

Análise do resistoma e *Staphylococcus aureus* em bovinos leiteiros criados nos estados de Minas Gerais, Rio de Janeiro, São Paulo e Goiás

ana carolina ferreira venezian - Graduanda do 10º módulo de Medicina Veterinária, UFLA.
Iniciação científica voluntária.

Sami Killary Siqueira Rojas - Graduanda do Departamento de Biologia, UFLA.

Jéssica Luana Felix Moreira - Coorientadora, Pós-graduanda do Departamento de Medicina Veterinária, UFLA.

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

Elaine Maria Seles Dorneles - Professora do Departamento de Medicina Veterinária, UFLA

Carine Rodrigues Pereira - Professora do Departamento de Medicina Veterinária, UFLA.
Orientadora. - Orientador(a)

Resumo

Staphylococcus aureus corresponde a uma das bactérias patogênicas mais importantes na bovinocultura leiteira, quando se refere à mastite bovina. O *S. aureus* é reconhecido pela sua elevada capacidade de desenvolver resistência com facilidade a diversos antimicrobianos. Esse fator é determinado pela ocorrência de mutações em seus genes e/ou pela aquisição de genes de resistência. O presente estudo teve como objetivo realizar a análise de 73 amostras de *S. aureus*, cedidas pela EMBRAPA Gado de leite, sendo isoladas a partir de leite coletados de vacas criadas em 45 municípios, entre os estados de Minas Gerais, Rio de Janeiro, São Paulo e Goiás. As cepas foram cultivadas em BHI, submetidas à extração de DNA genômico com tiocianato de guanídio e sequenciamento genômico completo foi realizado a partir da plataforma Illumina HiSeq 2500. A qualidade dos dados gerados foi avaliada com o software FASTQC. Para a montagem dos genomas, utilizou-se o programa Unicycler, seguindo da avaliação da qualidade por meio dos softwares QUAST e CheckM. A ordenação foi realizada pela ferramenta Medusa. A identificação de genes de resistência antimicrobiana foi efetuada com auxílio do ABRicate (Megares). Foram identificados trinta e seis genes. Todos os isolados apresentaram ao menos um gene associado à resistência a aminoglicosídeos (*aac3*, *aac6-prime*, *anti3-Dprime*, *anti4-prime*, *anti6*, *aph2-Dprime*, *aph3-prime*), além de genes de resistência a múltiplas classes de antimicrobianos (*arlR*, *arlS*, *mgrA*, *mepB*), cloranfenicol (*dhap*) e biocidas (*lmrS*, *mepA*, *mepR*, *norA*, *norB*, *qacAB*, *qacR*, *qacC*). O gene *blaZ* (resistência à ampicilina) foi detectado em 45 isolados, assim como os genes *blal* e *ber* (resistência à penicilina). O gene *fosB* (fosfomicina) foi encontrado em 48 isolados, *ble* (bleomicina) em 2, enquanto 1 isolado apresentou gene de resistência a macrolídeos (*mphC*) e 1 ao gene de bomba de efluxo *msrA*. Além disso, *sat* (estreptomicina) foi detectado em 2 isolados, e genes relacionados à resistência à tetraciclina (*tet38*, *tetK*, *tetL*, *tetM*) foram observados em 71 amostras. Em suma, pode-se considerar o *S. aureus* um importante reservatório de genes de resistência a diversas classes de fármacos, com destaques aos aminoglicosídeos e biocidas, fator o qual está diretamente relacionado ao uso indevido e indiscriminado de antibióticos nos sistemas de produção de leite, promovendo uma seleção de cepas mais resistentes a estes compostos a partir do uso de doses subletais.

Palavras-Chave: mastite, bovinocultura, sequenciamento.

Instituição de Fomento: Universidade Federal de Lavras

Link do pitch: <https://youtu.be/kgFvxvKQ86D8>