

Medicina Veterinária

Caracterização do pan-genoma de *Staphylococcus aureus* de 73 amostras isoladas de leite proveniente de vacas com mastite

Sami Killary Siqueira Rojas - Graduanda do 7º módulo de Biologia, UFLA

Eduarda Moraes Magossi Silva - Doutoranda do Departamento de Medicina Veterinária, UFLA -
Coorientadora

Jéssica Luana Felix Moreira - Mestranda do Departamento de Medicina Veterinária, UFLA

Amanda Carvalho Rosado Ferreira - Doutoranda 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. Contato:
carinepereira@ufla.br - Orientadora. - Orientador(a)

Resumo

A *Staphylococcus aureus* é um dos principais patógenos causadores da mastite bovina, gerando impactos significativos à sanidade animal e à saúde coletiva. A investigação do repertório genético de patógenos permite expandir a compreensão dos mecanismos de virulência e resistência antimicrobiana, monitorar a evolução da espécie, elucidar características epidemiológicas e, conseqüentemente, nortear medidas de prevenção e possíveis tratamentos. Diante disso, o estudo do pan-genoma possibilita a avaliação do repertório gênico, dividido em: genoma central, composto por genes presentes em ao menos 99% dos exemplares analisados; genoma acessório, os genes encontrados em muitos indivíduos, mas não em todos; e singletons, genes exclusivos de cada cepa. O objetivo deste trabalho foi descrever o perfil e a frequência gênica de 73 amostras de *S. aureus* isoladas de mastite bovina entre 1994 e 2016, a partir da análise do seu pan-genoma. Na primeira etapa, realizou-se a extração de DNA das 73 amostras utilizando o kit Wizard, seguida do sequenciamento genômico completo na plataforma Illumina HiSeq 2500. Posteriormente, foram conduzidos os procedimentos de montagem, avaliação de qualidade, aferição de contaminação e redução de gaps, sendo as seqüências depositadas no NCBI (Bioproject PRJNA1089484). A anotação gênica foi realizada com o programa Prokka 1.14.6, e o pan-genoma analisado pelo Roary 3.13.0, que também categorizou os genes de acordo com sua presença e ausência na população, permitindo análises filogenéticas baseadas em similaridade. Foi observada que no repertório gênico total (4972 genes), 1792 (36,04%) classificados como genes centrais (core), 2236 (44,97%) como genes acessórios e 944 (18,99%) como genes únicos (singletons) dentre os isolados estudados. O genoma central relaciona-se a funções vitais, constituindo o eixo metabólico da espécie. A alta frequência gênica de acessórios evidencia a plasticidade da *S. aureus*, associada a microorganismos com múltiplos mecanismos de patogenicidade e resistência. Isso indica a presença de um pan-genoma aberto, enquanto os singletons refletem a variabilidade genética exclusiva de cada amostra. Conclui-se que as análises de pan-genoma são ferramentas eficazes para investigar a plasticidade genética e a variabilidade filogenética de populações, sendo os genes acessórios especialmente relevantes para compreender a adaptabilidade e os padrões epidemiológicos de *S. aureus* no contexto da pecuária leiteira e da saúde pública.

Palavras-Chave: bioinformática, vigilância genômica, sanidade bovina.

Instituição de Fomento: FAPEMIG, CAPES, CNPq

Link do pitch: <https://www.youtube.com/watch?v=4sN80MQb5pY>