



ID:23

INVESTIGAÇÃO DE GENES DE RESISTÊNCIA ANTIMICROBIANA EM 84 AMOSTRAS DE *Staphylococcus aureus* ISOLADAS DE MASTITE BOVINA

Eduarda Moraes Magossi Silva¹; Marcilene Daniel Damasceno¹; Kelly Mara Gomes Godoy²; Amanda Carvalho Rosado Ferreira¹, Carine Rodrigues Pereira¹, Alessandro de Sá Guimarães³, Vasco Ariston de Carvalho Azevedo³, Elaine Maria Seles Dorneles¹.

¹Departamento de Medicina Veterinária/DMV - Faculdade de Zootecnia e Medicina Veterinária/FZMV - Universidade Federal de Lavras/UFLA, Lavras, MG – Brasil

²Escola de Veterinária - Universidade Federal de Minas Gerais/UFMG, Belo Horizonte, MG – Brasil

³Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária/EMBRAPA Gado de Leite – Juiz de Fora/MG - Brasil

Palavras-chave: genômica; multirresistência; Staphylococci;

A bactéria *Staphylococcus aureus* é um dos patógenos causadores da mastite bovina de maior relevância, sendo uma das medidas de tratamento para esta enfermidade a antibioticoterapia. O uso excessivo e inadequado de antibióticos para tratamento de mastite propicia o surgimento de cepas resistentes a diversas classes antimicrobianas, representando um desafio no tratamento e um risco à saúde pública. Assim, este trabalho teve como objetivo identificar, através de análise genômica, a presença de genes de resistência antimicrobiana 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. Após a coleta e isolamento das amostras, foi feita a caracterização fenotípica para determinação da espécie *S. aureus* e o fenótipo de resistência foi testado utilizando o método de disco difusão. Para análise genômica, foi feita a extração de DNA e, em seguida, o sequenciamento através da plataforma Illumina HiSeq 2500. A qualidade do sequenciamento foi avaliada através do programa FastQC e a montagem foi feita utilizando o montador Unicycler v.5.0. O programa Quast foi utilizado para avaliação da qualidade de montagem e métricas, e o pacote CheckM para presença de contaminação. Para reduzir os números de gaps presentes nas montagens foram utilizados os pacotes MeDuSa e Seqkit. Após estas etapas, a presença dos genes de resistência antimicrobiana foi identificada utilizando o programa Abricate, com a base de dados Megares, em que foi possível observar a presença de 26 genes de resistência, dos quais 38,5% (10/26) genes de multirresistência, 23,1% (6/26) genes de resistência a aminoglicosídeos 11,5% genes de resistência a betalactâmicos, 11,5% genes de resistência a tetraciclina e 15,2% (4/26) outras classes de antimicrobianos. A predominância de genes ligados a multirresistência indica potencial destas bactérias, mas não são determinantes na manifestação do fenótipo de resistência, uma vez que a expressão do gene depende de múltiplos fatores. É importante destacar que a utilização inadequada e excessiva de antibióticos expõe estas bactérias a uma pressão ambiental que propicia a manifestação do fenótipo, uma vez que estas bactérias já possuem a informação genética para tal. Conclui-se que a mera presença dos genes não é bons preditores de multirresistência no banco de dados analisados, uma vez que não é garantia de sua expressão e conseqüentemente a manifestação fenotípica.

Agradecimentos: UFLA, UFMG, EMBRAPA, CAPES, CNPq e FAPEMIG.