

ANÁLISE DO PAN-GENOMA DE 73 AMOSTRAS DE *Staphylococcus aureus* ISOLADAS DE MASTITE BOVINA

Sami Killary Siqueira Rojas, Eduarda Moraes Magossi Silva, Jéssica Luana Felix Moreira, Marcilene Daniel Damasceno, Vasco Ariston Carvalho de Azevedo², Alessandro de Sá Guimarães, Carine Rodrigues Pereira, Elaine Maria Seles Dorneles.

¹Departamento de Medicina Veterinária/DMV - Faculdade de Zootecnia e Medicina Veterinária/FZMV - Universidade Federal de Lavras (UFLA), Lavras, MG - Brazil

²Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia da Universidade Federal da Bahia, Salvador, Bahia, Brazil

³Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, MG - Brasil

Palavras-chave: bioinformatics, Staphylococci, genomics, mammary glands

A mastite bovina provocada por *Staphylococcus aureus* é uma condição clínica que impacta significativamente a pecuária leiteira e a saúde pública. A investigação do repertório genético de patógenos permite a avaliação de mecanismos de virulência e resistência antimicrobiana, permitindo-o monitorar sua evolução, compreender a epidemiologia e nortear futuros tratamentos. Desse modo, o estudo do pan-genoma possibilita a análise da presença de genes existentes em uma espécie, os quais são categorizados em: genoma central, que são genes presente em ao menos 99% dos indivíduos de uma espécie; genoma acessório, aqueles genes presentes em muitos indivíduos, mas não em todos; e os singletons, que são os genes exclusivos de cada indivíduo. Portanto, o objetivo deste trabalho é descrever o perfil e a frequência gênica de 73 amostras de *S. aureus* isoladas de mastite bovina, entre os anos de 1994 e 2016, a partir da análise do pan-genoma desta população. Foi realizada a extração de DNA das 73 amostras do patógeno, seguida do sequenciamento por meio da plataforma Illumina HiSeq 2500. Após as etapas sequenciamento, montagem, avaliações de qualidade, aferição de contaminação e redução do número de gaps, as sequências foram depositadas no NCBI (National Center for Biotechnology Information) (Bioproject PRJNA1089484). A anotação funcional dos genes foi realizada através do programa Prokka 1.14.6, e a análise do pan-genoma foi realizada pelo programa Roary 3.13.0. Os genes foram classificados pelo Roary de acordo com sua presença em cada genoma e a frequência dentro da população de amostras, possibilitando as análises filogenéticas com base nas similaridades das sequências estudadas. Observou-se que dentre o repertório gênico total (4972), 1792 (36,04%) foram classificados como genes centrais (core), 2236 (44,97%) como genes acessórios e 944 (18,99%) como genes únicos (singletons) dentre os isolados estudados. Os genes centrais codificam proteínas essenciais para as funções vitais do organismo, representando uma parcela considerável do pan-genoma. A alta frequência de genes acessórios indica alta adaptabilidade da bactéria, comumente atrelada a microrganismos que possuem diversos mecanismos de patogenicidade e resistência ambiental e antimicrobiana, indicando que as *S. aureus* estudadas podem possuir um pan-genoma aberto, enquanto os singletons indicam variabilidades genéticas exclusivas de cada isolado. Conclui-se que as análises de pan-genoma são uma ferramenta eficaz para a investigação da plasticidade genética e da variabilidade filogenômica de determinada população de microrganismos, sendo os genes acessórios os mais informativos quanto à presença de adaptabilidade e determinação padrões epidemiológicos tanto no contexto da pecuária leiteira como na saúde pública.