

R.A. ✓

Poster (Painel)

237-1 IDENTIFICAÇÃO DE ESTAFILOCOCOS COAGULASE NEGATIVOS ISOLADOS MASTITE BOVINA POR SEQUENCIAMENTO DO rDNA 16S

Autores: Carla Christine Lange (EMBRAPA GADO DELEITE - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária); Maria Aparecida Vasconcelos Paiva Brito (EMBRAPA GADO DELEITE - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária); Fabiana Santos da Silva (CES/JF - Centro de Ensino Superior de Juiz de Fora); Mariana Caroline Tocantins Alvim (UFJF - Universidade Federal de Juiz de Fora); Daniele Ribeiro de Lima Reis (EMBRAPA GADO DELEITE - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária); Robert Domingues (UFV - Universidade Federal de Viçosa)

Resumo

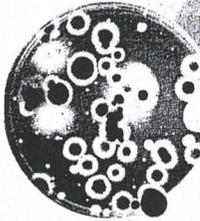
A mastite é uma doença multifatorial, que frequentemente tem origem bacteriana, e afeta rebanhos no mundo inteiro. O *Staphylococcus* contém pelo menos 40 espécies e 17 subespécies e, sob determinadas circunstâncias, vários microrganismos são capazes de causar mastite. Em rebanhos que alcançaram um controle dos agentes contagiosos, especialmente *aureus* e *Streptococcus agalactiae*, as outras espécies de *Staphylococcus* têm sido frequentemente associadas à mastite em rebanhos bovinos. Neste estudo um total de 63 isolados de *Staphylococcus* spp. coagulase negativos isolados de mastite bovina submetidos ao sequenciamento do rDNA 16S para a identificação dos isolados em nível de espécie. Foram utilizados oligonucleotídeos iniciadores que amplificam um produto de 536 pb. As reações de sequenciamento foram realizadas separadamente com os dois oligonucleotídeos iniciadores de modo a se obter duas sequências para cada amostra analisada. Os pares de sequências foram editados e reunidos utilizando-se o software DNA Baser v3 (Heracle Biosoft, Germany) e as sequências resultantes foram comparadas com sequências bacterianas depositadas na base de dados do NCBI. As espécies identificadas foram *S. chromogenes* (25), *S. sciuri* (10), *S. haemolyticus* (7), *S. epidermidis* (6), *S. simulans* (5) e *S. hyicus* (3). Todas as espécies identificadas neste estudo já foram identificadas em outros estudos sobre a etiologia da mastite estafilocócica. A identidade dos isolados não foi elucidada, pois o fragmento sequenciado alinhou em toda sua extensão (100%) com duas ou três sequências diferentes. O sequenciamento de um fragmento maior do mesmo gene ou de outro gene deverá ser feito para se obter a identificação definitiva destes sete isolados.

SP 5208
P. 167

EDIÇÃO ESPECIAL

26°

Congresso Brasileiro

Micr  **biologia**

2 a 6 de outubro de 2011
Foz do Iguaçu-PR

PROGRAMA E RESUMOS

ISSN 1982-1301