

27º Congresso Brasileiro de Microbiologia 2013.

ResumoID: 1762-1

Evento Submissão: 27º Congresso Brasileiro de Microbiologia

AREA: Microbiologia Veterinária - Divisão K

SUB-AREA: Métodos de Diagnóstico microbiológico e sensibilidade aos antimicrobianos

Identificação e caracterização de estirpes de *Staphylococcus aureus* isoladas de mastite bovina

**Autores** Lange, C. C. <sup>1</sup>, Brito, M. A. V. P. <sup>1</sup>, Ribeiro, J. B. <sup>1</sup>, Machado, M. A. <sup>1</sup>, Reis, D. R. L. <sup>1</sup>, Meurer, I. R. <sup>2</sup>, Mendonça, R. S. <sup>3</sup>, Oliveira, B. L. <sup>4</sup>

**E-mail do primeiro autor:** carla.lange@embrapa.br

**Instituição** <sup>1</sup> Embrapa - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Rua Eugênio do Nascimento, 610, 36038330, Dom Bosco, Juiz de Fora, MG), <sup>2</sup> UFJF - Universidade Federal de Juiz de Fora (Rua José Lourenço Kelmer, s/n, 36036900, São Pedro, Juiz de Fora, MG), <sup>3</sup> UNIPAC - Universidade Presidente Antônio Carlos (Av. Juiz de Fora, 1100, 36047362, Granjas Betânia, Juiz de Fora, MG), <sup>4</sup> CES-JF - Centro de Ensino Superior de Juiz de Fora (Av. Luz Interior, 345, Estrela Sul, Juiz de Fora, MG)

**Resumo:**

*Staphylococcus aureus* é um patógeno primário da mastite bovina, responsável por infecções clínicas e subclínicas e altas contagens de células somáticas no leite. As espécies do gênero *Staphylococcus* podem ser identificadas com base em características fenotípicas ou moleculares. O objetivo deste trabalho foi identificar *S. aureus* de mastite bovina utilizando técnicas fenotípicas e moleculares e comparar os resultados obtidos pelas diferentes técnicas. Trinta e um *S. aureus* identificados pelo sequenciamento parcial do gene rDNA 16S foram testados quanto à produção de coagulase livre com plasma de coelho de duas diferentes marcas e quanto à produção de acetoina. Foram ainda submetidos a um teste rápido de aglutinação em látex para identificação de *S. aureus* e à pesquisa dos genes *coa* e *femA* por PCR. Em relação ao sequenciamento do rDNA 16S, 28 dos 31 isolados sequenciados apresentaram 100% de similaridade com sequências de *S. aureus* depositados no GenBank; três isolados apresentaram 98% de similaridade. Estes três isolados não amplificaram os genes *coa* e *femA*, específicos para *S. aureus*, e apresentaram resultado negativo para os testes de aglutinação em látex e coagulase, levando-nos a concluir que se trata de outra espécie do gênero *Staphylococcus*. Novo sequenciamento será realizado para elucidar a identificação dos mesmos. Dos 28 isolados identificados como *S. aureus* pelo sequenciamento do rDNA 16S e pela amplificação dos genes *coa* e *femA* por PCR, seis não coagularam o plasma de coelho de duas diferentes marcas, sugerindo que a produção de coagulase não é uma característica sempre presente em isolados de *S. aureus* de mastite bovina. Baseados nos resultados deste estudo, concluímos que para a identificação de *S. aureus* pelo sequenciamento do rDNA 16S deve ser observada uma percentagem de similaridade com sequências depositadas no GenBank superior a 98%.

**Palavras-chaves:** coagulase, PCR do gene *coa*, PCR do gene *femA*, sequenciamento, rDNA 16S

**Agência Fomento:** Fapemig (APQ-00165-11) e CNPq (bolsas PIBIC)



Data: 29/09/2013 a 03/10/2013

Local: Centro de Convenções de Natal

## PROGRAMA E RESUMOS

### Eventos paralelos:

- II Simpósio Iberoamericano sobre Micro-organismos Fotossintetizantes
- XV Simpósio Brasileiro de Micobactérias
- II Simpósio de Fermentação Alcoólica
- I Brazilian Microbiome Workshop and II Brazilian Microbiome Project Meeting
- IV Simpósio de Coleções de Cultura
- Mini-Simpósio sobre New Delhi metalo-beta-lactamase-1 (NDM-1)