

Medicina Veterinária

Prevalência de fenótipo e genótipo hemolítico em amostras de *Staphylococcus aureus* isoladas de mastite bovina em Minas Gerais, Brasil

Eduarda Moraes Magossi Silva - 8º Módulo de Medicina Veterinária, iniciação científica voluntária

Verónica Karen Castro Pérez - Mestre em Ciências Veterinárias, DMV/UFLA

Dirceia Aparecida Costa Custódio - Doutoranda em Ciências Veterinárias, DMV/UFLA

Alessandro Sá Guimarães - Embrapa Gado de Leite

Marcos Bryan Heinemann - Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, USP

Elaine Maria Seles Dorneles - Professora Orientadora, DMV/UFLA - Orientador(a)

Resumo

A habilidade de produzir toxinas por isolados de *Staphylococcus aureus* de origem animal é uma preocupação não apenas em saúde animal, mas também em saúde pública, uma vez que essas toxinas são geralmente responsáveis por quadros de intoxicação alimentar. Neste contexto, os genes *hla* e *hnb*, responsáveis pela produção de alfa e beta-hemolisinas, representam um dos fatores de virulência mais significativos em *S. aureus* provenientes de mastite bovina, já que além de favorecerem a infecção da glândula mamária por esses agentes, também são termoestáveis, permanecendo ativas mesmo após o tratamento térmico do leite, ao qual pode ser destinado ao consumo humano. Neste estudo, 400 amostras de *S. aureus* foram avaliadas quanto à presença de fenótipo e genótipo para estes fatores de virulência. A pesquisa dos genes de hemolisinas *hla* e *hnb* foi realizada por PCR (reação em cadeia da polimerase) e a produção de hemolisinas *in vitro* foi detectada por meio do cultivo dos isolados em caldo BHI contendo 5% sangue ovino à 37°C, por 24 h. A hemólise completa foi atribuída à alfa-hemolisina e a hemólise incompleta (halos enegrecidos apenas ao redor da colônia) atribuída à beta-hemolisina. Por meio desta triagem pôde-se observar o fenótipo hemolítico em 64,25% (257/400) das amostras, sendo 28,25% (113/400) de hemólise completa e 4,75% (19/400) de hemólise incompleta; apenas 2,75% (11/400) dos isolados não apresentaram hemólise. Na PCR, 82,85% (329/400) dos isolados apresentaram ambos os genes; 16,5% (66/400) apenas o gene *hla*; 0,75% (3/400) apenas o gene *hnb*; e somente 0,5% (2/400) não apresentou nenhum dos genes. Os resultados mostram que a grande maioria dos isolados possuem genes para a produção de hemolisinas, mesmo que alguns não tenham expressado qualquer destes no teste fenotípico. A presença destes fatores de virulência chamam a atenção por estarem presentes em uma parcela expressiva da população estudada e também por representarem risco significativo à saúde humana e animal, já que, em especial, a beta-hemolisina possui estabilidade contra inativação por altas temperaturas. Além disto, a interação entre ambas as hemolisinas aumenta a aderência nas células do epitélio mamário bovino, propiciando a proliferação das *S. aureus*, implicando assim na patogênese da mastite bovina. Sendo assim, estes resultados apontam para um grande potencial patogênico associado à mastite bovina e para riscos não desprezíveis das infecções estafilocócicas de origem animal na saúde pública.

Palavras-Chave: Staphylococci, infecção intramamária, hemolisinas.

Instituição de Fomento: Capes, CNPq, Fapemig

Link do pitch: <https://youtu.be/-8UiwRrzfpl>