



II SIMPÓSIO NACIONAL DE
**MICROBIOLOGIA
VETERINÁRIA**



MEDICINA VETERINÁRIA



Anais do II Simpósio Nacional de Microbiologia Veterinária

Porto Alegre, 23 e 24 de fevereiro de 2024

ORGANIZAÇÃO

Associação de Turma de Medicina Veterinária UFRGS 2024/1

Laboratório de Bacteriologia Veterinária – LaBacVet da UFRGS

UFRGS

Porto Alegre

2024



II SIMPÓSIO NACIONAL DE
**MICROBIOLOGIA
VETERINÁRIA**



MEDICINA VETERINÁRIA



S612a Simpósio Nacional de Microbiologia Veterinária (2. : 2024 : Porto Alegre, RS).
Anais do II Simpósio Nacional de Microbiologia Veterinária [recurso eletrônico] /
organização, Associação de Turma de Medicina Veterinária UFRGS 2024/1,
Laboratório de Bacteriologia Veterinária – LaBacVet da UFRGS. – Dados eletrônicos
(1 arquivo : 965 KBytes). – Porto Alegre : UFRGS, 2024.
53 p.

Livro digital
Formato: PDF

ISBN 978-65-5973-357-6

1. Produção Animal. 2. Resistência antimicrobiana. 3. Sanidade. 4. Saúde Única.
5. Zoonoses. I. Associação de Turma de Medicina Veterinária UFRGS 2024/1.
II. Laboratório de Bacteriologia Veterinária – LaBacVet da UFRGS. III. Título.

CDD 636.089601



II SIMPÓSIO NACIONAL DE
**MICROBIOLOGIA
VETERINÁRIA**



MEDICINA VETERINÁRIA



**ANÁLISE GENOTÍPICA DO PERFIL DE GENES MARCADORES DE
VIRULÊNCIA EM ISOLADOS DE *Staphylococcus pseudintermedius*
RESISTENTES E SENSÍVEIS À METICILINA EM CÃES**

Maria Eduarda Rocha Jacques da Silva^{1,2}; Franciele Maboni Siqueira^{1,2}

¹Programa de Pós-graduação em Ciências Veterinárias, Universidade Federal do Rio Grande do Sul;

²Laboratório de Bacteriologia Veterinária, Departamento de Patologia Veterinária, Universidade Federal do Rio Grande do Sul;

Introdução: *Staphylococcus pseudintermedius* desempenha um papel significativo na indução de diversas doenças infecciosas em cães. Apesar de sua relevância, a compreensão aprofundada de seus mecanismos de virulência ainda representa um desafio. Este patógeno, ao colonizar uma variedade de sítios de infecção em cães e outras espécies, é associado a condições como piodermatite, cistite, sepse e otite. Essa diversidade de manifestações clínicas ressalta a amplitude do impacto patológico causado por *S. pseudintermedius*. **Objetivo:** O presente estudo tem como objetivo investigar e comparar a presença de genes marcadores de virulência em dois grupos distintos: um composto por 15 isolados de *S. pseudintermedius* resistentes à meticilina (MRSP) e outro por 13 isolados de *S. pseudintermedius* sensíveis à meticilina (MSSP), analisando os aspectos genotípicos desses isolados. **Metodologia:** Os isolados foram submetidos a sequenciamento de Nova Geração (NGS) pela plataforma Illumina HiSeq, e os genomas foram montados utilizando o *software* Edena v.3. Para avaliação da qualidade dos genomas, empregou-se o *software* Quast v.5.2. A identificação dos genes de virulência foi conduzida utilizando o *Virulence Factor Database* e do banco de dados *Victors*, acessados através da plataforma *Patric*. **Resultados:** Foi observada a presença de um maior número de genes marcadores de virulência no grupo MSSP, com 14 genes exclusivos a esse grupo, relacionados à expressão de enterotoxinas, exotoxinas e formação de biofilme. No grupo MRSP, foram identificados apenas dois genes



II SIMPÓSIO NACIONAL DE
**MICROBIOLOGIA
VETERINÁRIA**



MEDICINA VETERINÁRIA



exclusivos, relacionados a codificação de atividade da N-acetilneuraminato liase e metiltransferase, **Conclusão:** Este estudo revelou notáveis disparidades genotípicas entre os isolados MRSP e MSSP, destacando uma diversidade significativa na composição genética. O grupo MSSP exibiu um maior número de genes marcadores de virulência, incluindo genes exclusivos que podem apontar para características patogênicas distintas desses isolados. Essas diferenças contribuem para uma compreensão mais profunda da variabilidade biológica em isolados de *S. pseudintermedius*.

Palavras-chaves: genômica; caninos; patogenicidade

Referências bibliográficas:

1. BANNOEHR, J.; GUARDABASSI, L. *Staphylococcus pseudintermedius* in the dog: Taxonomy, diagnostics, ecology, epidemiology and pathogenicity. **Veterinary Dermatology**, [s. l.], v. 23, n. 4, p. 1–16, 2012.
2. CHEN, L. et al. VFDB: A reference database for bacterial virulence factors. **Nucleic Acids Research**, [s. l.], v. 33, n. DATABASE ISS., p. 325–328, 2005.
3. GUREVICH, A. et al. QUASt: Quality assessment tool for genome assemblies. **Bioinformatics**, [s. l.], v. 29, n. 8, p. 1072–1075, 2013.
4. HERNANDEZ, D. et al. De novo bacterial genome sequencing: Millions of very short reads assembled on a desktop computer. **Genome Research**, [s. l.], v. 18, n. 5, p. 802–809, 2008.
5. PAHARIK, A. E.; HORSWILL, A. R. The staphylococcal biofilm: Adhesins, regulation, and host response. **Virulence Mechanisms of Bacterial Pathogens**, [s. l.], n. 3, p. 529–566, 2016.
6. SAYERS, S. et al. Victors: A web-based knowledge base of virulence factors in human and animal pathogens. **Nucleic Acids Research**, [s. l.], v. 47, n. D1, p. D693–D700, 2019.



II SIMPÓSIO NACIONAL DE
**MICROBIOLOGIA
VETERINÁRIA**



MEDICINA VETERINÁRIA



7. DEVRIESE, L. A. et al. *Staphylococcus pseudintermedius* sp. nov., a coagulase-positive species from animals. **International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology**, [s. l.], v. 55, n. 4, p. 1569–1573, 2005.

Área de avaliação: Microbiologia.