

## **Resumo – Caracterização fenotípica e genotípica de factores de virulência de staphylococci de origem animal**

As bactérias pertencentes ao género *Staphylococcus* podem expressar uma ampla gama de factores de virulência que influenciam o prognóstico de uma infecção. Podem ser agentes patogénicos multirresistentes em animais, responsáveis por doenças como abscessos, dermatites ou mastites. Neste estudo realizou-se uma caracterização fenotípica e genotípica dos factores de virulência de staphylococci resistentes à meticilina (MRS) de origem animal. Um total de 253 staphylococci foram avaliados para resistência à meticilina. Esta colecção inclui isolados de mastites clínicas e subclínicas bovinas e isolados clínicos de cães, gatos, cavalos e cabras. A identificação dos isolados tinha sido previamente realizada por testes bioquímicos e foi confirmada ao género ou espécie por PCR e a clonalidade dos isolados foi avaliada por PFGE. A resistência à meticilina foi avaliada pelo método de difusão em disco com oxacilina de acordo com as normas do CLSI e confirmada pelo meio MRSA modificado e por PCR do gene *mecA*. A ocorrência do novo homólogo *mecA*, LGA<sub>251</sub> foi avaliada por PCR em MRS *mecA* negativos. A presença de factores de virulência como coagulase, hemolisinas, DNase, gelatinase e lipase foi avaliada fenotipicamente. A produção de biofilme foi também avaliada fenotipicamente e por PCR dos genes *icaA*, *icaD* and *bap*. O sistema de quorum-sensing *agr* foi avaliado por PCR. A susceptibilidade a 18 antimicrobianos foi determinada de acordo com as normas do CLSI. A presença de bacteriófagos e a produção de bacteriocinas foram avaliadas por ensaios em placa.

Um total de 26 isolados foram identificados como MRS: *S. epidermidis* (n=16), *S. aureus* (n=4) e *Staphylococcus* spp. (n=6). Dos 26 MRS, 19,2% eram coagulase-positivos, 73,1% produziram hemólise, 26,9% produziram DNase, 96,2% foram gelatinase-positivos, 69,2% foram lipase-positivos e 38,5% dos isolados foram capazes de expressar biofilme *in vitro*. Os genes *icaA* e *icaD* estão presentes em 38,5% dos isolados, mas nenhum foi *bap*-positivo. Apenas 11,5% dos isolados foram tipificados para com o sistema *agr*. A co-resistência a agentes antimicrobianos variou de 0% (cloranfenicol e vancomicina) até 92,3% (ácido nalidíxico). Os bacteriófagos estavam presentes em 34,6% dos isolados e nenhum produziu bacteriocinas.

As elevadas frequências de factores de virulência combinadas com os elevados perfis de co-resistência a antimicrobianos sugerem que estes isolados podem representar um problema sério para saúde pública, reforçando a importância do conceito de "Uma só saúde".

Palavras-chave: factores de virulência, staphylococci, animal, biofilme, resistência à meticilina