



DIVERSIDADE GENÉTICA DE *STAPHYLOCOCCUS XYLOSUS* CAUSADORES DE INFECÇÕES INTRAMAMÁRIAS EM OVELHAS DA RAÇA LACAUNE

Rafael Luan Perin

Mestrando do Programa de Pós-Graduação em Saúde, Bem-Estar e Produção Animal
Sustentável na Fronteira Sul (UFFS) e bolsista da CAPES

Gabriel Siqueira dos Santos

Mestrando do Programa de Pós-Graduação em Epidemiologia e Saúde Única, da
Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade de São Paulo
(FMVZ/USP)

Priscila Correa Frison

Mestranda do Programa de Pós-Graduação em Saúde, Bem-Estar e Produção Animal
Sustentável na Fronteira Sul (UFFS) e bolsista da CAPES

Marcos Bryan Heinemann

Professor do Departamento de Medicina Veterinária Preventiva e Saúde Animal, da
Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade de São Paulo
(FMVZ/USP)

Alice Maria Melville Paiva Della Libera

Professora do Departamento de Clínica Médica, da Faculdade de Medicina Veterinária e
Zootecnia, Universidade de São Paulo (FMVZ/USP)

Fernando Nogueira de Souza

Professor do Programa de Pós-Graduação em Clínica Veterinária, da Faculdade de
Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade de São Paulo (FMVZ/USP)

Maiara Garcia Blagitz Azevedo

Professora do Programa de Pós-Graduação em Saúde, Bem-Estar e Produção Animal
Sustentável na Fronteira Sul (UFFS)
maiara.azevedo@uffs.edu.br

1. Introdução

A origem da secreção láctea remonta a mais de 150 milhões de anos, antecedendo a organização das glândulas mamárias modernas. Nos sinapsídeos, ancestrais dos mamíferos, uma secreção semelhante ao leite era produzida pela pele, provavelmente para umidificar e proteger ovos, antes da emergência da amamentação como estratégia reprodutiva (Widelitz *et al.*, 2007).

No contexto da ovinocultura, atividade em expansão no Brasil (Bianchi *et al.*,



2023), as infecções intramamárias e as mastites se destacam como entraves econômicos e sanitários. Caracterizada pela inflamação da glândula mamária, essa condição está frequentemente associada a patógenos como os *Staphylococcus* não-*aureus* (SNA), grupo que inclui o *Staphylococcus xylosus*. Esses microrganismos, embora menos estudados que *Staphylococcus aureus*, exibem complexidade epidemiológica: são comensais em nichos como a pele de camundongos (Battaglia; Garrett- Sinha, 2023), mas podem tornar-se oportunistas em hospedeiros imunocomprometidos, causando desde infecções cutâneas até abscessos sistêmicos (Akhaddar *et al.*, 2010; Çolak *et al.*, 2024).

Em ovinos, a mastite por SNA está ligada a perdas produtivas, alterações na qualidade do leite (Vasil *et al.*, 2016) e desafios terapêuticos, agravados pela multirresistência de cepas a quinolonas, β -lactâmicos e macrolídeos (Al-Tameemi *et al.*, 2023; Vela *et al.*, 2012). A detecção de material genético bacteriano em leite pasteurizado (Vasileiou *et al.*, 2019) amplia as preocupações, sugerindo que o consumo de derivados lácteos possa veicular não apenas patógenos, mas também determinantes genéticos de resistência. A escassez de dados sobre a epidemiologia molecular do *S. xylosus* em rebanhos ovinos limita a elaboração de estratégias eficazes de controle, especialmente em países como o Brasil, onde a cadeia produtiva de leite ovino está em consolidação (Pulina *et al.*, 2018).

Diante desse cenário, este estudo visa descrever a epidemiologia molecular do *Staphylococcus xylosus* em casos de mastite ovina, investigando fatores genéticos de virulência, padrões de resistência antimicrobiana e dinâmicas de transmissão. Os resultados buscarão subsidiar medidas de prevenção, tratamento e controle, mitigando impactos econômicos e reduzindo riscos associados à disseminação de resistência em cadeias produtivas e ecossistemas microbianos.

2. Metodologia

A pesquisa foi realizada no Departamento de Medicina Veterinária Preventiva e Saúde Animal da Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da Universidade de São Paulo (VPS/FMVZ – USP). Amostras coletadas a partir de leite de ovinos da Raça Lacune foram submetidas a reação em cadeia da polimerase para identificação de *S. xylosus*, e dos genes de resistência *MecA*, *MecC* e *BlaZ*. Em seguida, foram submetidos



a cultura e antibiograma e por fim a análise de clonalidade por Amplificação Aleatória do DNA Polmórfico em Reação em Cadeia da Polimerase (RAPD-PCR).

Foram analisadas 24 amostras de leite obtidas de ovelhas com infecção intramamária, coletadas assepticamente. O isolamento bacteriano foi realizado por cultivo em ágar sangue 5% e incubação a 37 °C por 24 h. A identificação de *Staphylococcus xylosus* baseou-se nas características fenotípicas das colônias, associadas à prova de catalase positiva e coagulase negativa. O teste de suscetibilidade antimicrobiana foi conduzido pela técnica de difusão em disco, utilizando discos impregnados com antimicrobianos padronizados, em ágar Mueller-Hinton, com incubação a 37 °C por 18–24 h. A interpretação dos halos de inibição foi realizada de acordo com os pontos de corte estabelecidos pelo BrCAST (linha veterinária).

3. Resultados e discussão

Após a realização da reação em cadeia da polimerase (PCR) para identificação microbiológica, foram confirmadas 24 amostras positivas para *Staphylococcus xylosus*. Dentre estas, quatro amostras (A249, A338, A330 e A128) apresentaram positividade para o gene blaZ, associado à resistência a β -lactâmicos, como a penicilina. Dois isolados (A260 e A185) foram positivos para o gene mecC, relacionado à resistência à oxacilina, enquanto nenhuma amostra demonstrou presença do gene mecA, frequentemente vinculado à meticilina-resistência em estafilococos. Em paralelo, a análise de RAPD revelou uma heterogeneidade genética significativa entre as cepas, com perfis de similaridade variando entre aproximadamente 70% (indicativo de disseminação clonal) e 0% (cepas geneticamente distintas).

Os resultados obtidos na identificação molecular de *Staphylococcus xylosus* associados à mastite ovina revelam aspectos relevantes sobre os mecanismos de resistência a antimicrobianos nesta espécie. Das 24 amostras positivas para *S. xylosus*, quatro (16,7%) apresentaram o gene blaZ, associado à resistência a β -lactâmicos, como penicilinas, por codificar uma β -lactamase. Esse achado corrobora estudos anteriores que identificaram a presença de blaZ em *S. xylosus* de origem animal, embora em frequências variáveis (Vela *et al.*, 2012). A detecção deste gene reforça a hipótese de que a resistência a β -lactâmicos nesta espécie pode estar parcialmente mediada por enzimas modificadoras,



embora a ausência de correlação entre a presença de blaZ e fenótipos de resistência específicos deva ser investigada em ensaios fenotípicos complementares.

Apesar de a PCR ter identificado genes-chave de resistência, a análise não abrangeu outros determinantes genéticos (como tetK ou genes de efluxo) já reportados em *S. xylosus* (Cheng *et al.*, 2019; Chen *et al.*, 2022). Estudos futuros deveriam empregar sequenciamento completo do genoma para mapear todos os genes de resistência e elementos móveis (plasmídeos, transposons), além de ensaios fenotípicos para correlacionar genótipo e perfil de susceptibilidade. A investigação da expressão de blaZ e mecC em condições *in vitro* também seria valiosa para entender sua contribuição real na resistência.

4. Considerações finais

Os resultados demonstram que *S. xylosus* em ovinos carrega genes de resistência a antimicrobianos de relevância clínica, como blaZ e mecC, mesmo em ausência de mecA. Esses achados reforçam a necessidade de monitoramento contínuo desse patógeno como reservatório de resistência, além da implementação de práticas de manejo que reduzam a pressão seletiva por antibióticos em rebanhos. A elucidação dos mecanismos genéticos subjacentes à resistência em *S. xylosus* é essencial para orientar terapias assertivas e políticas de controle de mastite em ovinocultura.

Referências

- AKHADDAR, A. *et al.* Staphylococcus xylosus Isolated from an Otogenic Brain Abscess in an Adolescent. **Surgical Infections**, [s. l.], v. 11, n. 6, p. 559–561, 2010.
- AL-TAMEEMI, H. M. *et al.* Whole genome sequence and comparative genomics analysis of multidrug-resistant Staphylococcus xylosus NM36 isolated from a cow with mastitis in Basrah city. **Journal of Genetic Engineering and Biotechnology**, [s. l.], v. 21, n. 1, p. 163, 2023.
- BATTAGLIA, M.; GARRETT-SINHA, L. A. Staphylococcus xylosus and Staphylococcus aureus as commensals and pathogens on murine skin. **Laboratory Animal Research**, [s. l.], v. 39, n. 1, p. 18, 2023.
- BIANCHI, A. E. *et al.* O-195 Strategic analysis of the dairy sheep production systems in Brazil – An approach by SWOT methodology. **Animal - science proceedings**, [s. l.], v. 14, n. 1, p. 202, 2023.



CHEN, M. *et al.* Molecular Mechanism of *Staphylococcus xylosus* Resistance Against Tylosin and Florfenicol. **Infection and Drug Resistance**, [s. l.], v. Volume 15, p. 6165–6176, 2022.

CHENG, Q. *et al.* Genome Sequence of a *Staphylococcus xylosus* Clinical Isolate, Strain SMA0341-04 (UGA5), from Siaya County Referral Hospital in Siaya, Kenya. **Microbiology Resource Announcements**, [s. l.], v. 8, n. 16, 2019.

ÇOLAK, A. F. *et al.* A rare case presentation of septic sacroiliitis caused by *staphylococcus xylosus* and complicated with abscess formation: A case report. **Diagnostic Microbiology and Infectious Disease**, [s. l.], v. 109, n. 3, p. 116290, 2024.

PULINA, G. *et al.* Invited review: Current production trends, farm structures, and economics of the dairy sheep and goat sectors. **Journal of Dairy Science**, [s. l.], v. 101, n. 8, p. 6715–6729, 2018.

VASIL, M. *et al.* Effects of udder infections with *Staphylococcus xylosus* and *Staphylococcus warneri* on the composition and physicochemical changes in cows milk. **Polish Journal of Veterinary Sciences**, [s. l.], v. 19, n. 4, p. 841–848, 2016.

VASILEIOU, N. G. C. *et al.* Role of staphylococci in mastitis in sheep. **Journal of Dairy Research**, [s. l.], v. 86, n. 3, p. 254–266, 2019.

VELA, J. *et al.* Characterization of *Staphylococcus xylosus* isolated from broiler chicken barn bioaerosol. **Poultry Science**, [s. l.], v. 91, n. 12, p. 3003–3012, 2012.

WIDELITZ, R. B. *et al.* Mammary glands and feathers: Comparing two skin appendages which help define novel classes during vertebrate evolution. **Seminars in Cell and Developmental Biology**, [s. l.], v. 18, n. 2, p. 255–266, 2007.

Agradecimentos

Agradeço à Profa. Dra. Maiara Garcia Blagitz Azevedo pela orientação durante o período de mestrado e à Comissão de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela bolsa de pesquisa.