

SUBMISSÃO / RESUMO-EDITAIS (PROPEGI/PROEC/PROGRAD) -  
TRABALHOS LOCAIS - PESQUISA

**CARACTERIZAÇÃO IN SILICO DE STAPHYLOCOCCUS AUREUS  
RELACIONADOS A INFECÇÕES HUMANAS E BOVINAS NO BRASIL**

*Israel Santos Da Silva (israel.santoss@upe.br)*

*Anna Carolina Soares Almeida (anna.salmeida@ufrpe.br)*

*João Pacífico Bezerra Neto (pacifico.joao@upe.br)*

*Staphylococcus aureus* é uma bactéria Gram-positiva de morfologia cocoide, amplamente distribuída no ambiente e de grande relevância clínica e veterinária. Trata-se de um importante patógeno associado a infecções graves, mortalidade elevada e altos custos hospitalares, sobretudo em sua forma resistente à metilicina (MRSA). Além disso, é o principal agente da mastite bovina, ocasionando prejuízos na agropecuária. Abordagens terapêuticas alternativas, como a terapia fágica que usa bacteriófagos líticos, vêm sendo investigadas. Entretanto, há carência de dados atualizados sobre a epidemiologia deste patógeno no Brasil, gerando lacunas no entendimento de sua distribuição. Assim, o objetivo foi caracterizar in silico genomas de isolados brasileiros de *S. aureus* depositados em bancos públicos, investigando sua resistência, virulência e mecanismos antifágicos. Os genomas foram obtidos no

NCBI. A tipagem foi realizada pelo PubMLST (STs) e SCCmecFinder (SCCmec). Os genes de resistência e virulência foram identificados com Abricate/ResFinder; sistemas CRISPR com CRISPRCasFinder; e profagos com PHIGARO. Foram analisados 32 isolados de 10 estados, oriundos de humanos, caprinos, suínos e bovinos. Aproximadamente 50,25% foram classificados como MRSA. Os perfis de resistência revelaram maior frequência a betalactâmicos (20,8%), aminoglicosídeos (14,6%) e lincosamidas (12,3%). Entre os fatores de virulência, destaca-se a presença de genes associados à produção de biofilme e evasão imune (*icaABCD*, *sak*, *chp*). Não foram identificados sistemas CRISPR funcionais, os profagos detectados pertencem à família Siphoviridae. Esses achados indicam que isolados brasileiros apresentam perfis de resistência e patogenicidade semelhantes aos observados mundialmente, evidenciando troca entre hospedeiros e ampla disseminação de características adaptativas. Os resultados reforçam a necessidade de ampliar investigações genômicas para subsidiar o monitoramento epidemiológico e estratégias de controle.

Palavras-chave: resistência bacteriana; epidemiologia; patógenos.