

Guia 1

**VIGILÂNCIA GENÔMICA DE *Pasteurella multocida* TIPO A EM SUÍNOS:
IDENTIFICAÇÃO DE GENES PARA SELEÇÃO DE CEPAS EM VACINAS
AUTÓGENAS**

**Manuela Maria Cavalcante Granja¹, Gabriela Pereira Paschoalini¹, Thais Viana Fialho
Martins¹, Jefferson Viktor de Paula Barros Baêta¹, Lucas Fernando dos Santos¹, Daniel
Lúcio dos Santos¹, Walter Vieira Guimarães¹ e José Lúcio dos Santos¹.**

¹MicroVet - Microbiologia Veterinária Especial, Viçosa-MG. manuela@microvet.com.br

Pasteurella multocida tipo A é prevalente em suínos e associada à pneumonia enzoótica, especialmente em regiões de produção intensiva no Sul, Sudeste e Centro-Oeste do Brasil. Seu potencial zoonótico preocupa, com infecções graves em humanos imunossuprimidos, sendo os profissionais da cadeia suinícola um grupo de risco. A detecção de genes de virulência nos isolados é essencial para compreender a patogenicidade bacteriana e orientar estratégias de prevenção e controle de infecções. Foi analisada a presença de 11 genes de virulência detectados por sequenciamento WGS de 19 isolados de *P. multocida* A, oriundos de suínos de três estados produtores: Minas Gerais (n=6); Santa Catarina (n=6) e Goiás (n=7). A caracterização dos genes de virulência revelou perfis distintos nos estados, com base na presença dos genes relacionados com resposta imune, adesão, metabolismo e toxinas. Em MG e SC, 72,7% dos genes foram detectados em todos os isolados, enquanto em GO, foi observado em apenas 45,5% dos isolados, indicando maior variabilidade genética. Os genes *oma87*, *plpB*, *fimA*, *nanB* e *nanH* foram observados em todas as regiões. Os genes *hgbA*, *hgbB* e *pfA* foram observados em 100% dos isolados de MG e SC e apenas 57% dos isolados de GO, sugerindo menor potencial colonizador do agente nesta região. O gene *pmHAS* foi menos frequente em MG (16%) do que em SC e GO (83% e 57%, respectivamente). O gene *toxA* não foi observado em nenhum dos isolados. Tais achados têm implicações diretas na formulação de vacinas autógenas, já que existem variabilidade do perfil patogênico entre os isolados e entre regiões, reforçando a importância da vigilância genômica regionalizada e da caracterização dos isolados por propriedade para o controle sanitário e redução do risco zoonótico. Portanto, é possível verificar a importância da caracterização dos isolados por propriedade para formulação de vacinas autógenas eficazes, ajustadas à diversidade genética de cada rebanho.

Palavras-chave: Pasteurelose, sequenciamento WGS, variabilidade genética, zoonose.

Fonte de financiamento: MicroVet.

Guia 2

Referências bibliográficas

HANSEN MS, Pors SE, Jensen HE, Bille-Hansen V, Bisgaard M, Flachs EM, Nielsen OL. An investigation of the pathology and pathogens associated with porcine respiratory disease complex in Denmark. J Comp Pathol. 2010;143:120–131. doi: 10.1016/j.jcpa.2010.01.012.

FURIAN, Thales Quedi et al. Virulence genes and antimicrobial resistance of *Pasteurella multocida* isolated from poultry and swine. brazilian journal of microbiology, v. 47, n. 1, p. 210-216, 2016.

OLIVEIRA FILHO, João Xavier de et al. Pathogenic variability among *Pasteurella multocida* type A isolates from Brazilian pig farms. BMC Veterinary Research, v. 14, n. 1, p. 244, 2018.