

**RESUMO 98. OCORRÊNCIA DE PATÓGENOS CAUSADORES DE MASTITE BOVINA NOS ESTADOS DO SUDESTE BRASILEIRO**

Pedro Felipe Rodrigues e Oliveira<sup>1</sup>; Maysa Serpa Gonçalves<sup>1</sup>; Anna Cecília Trolesi Reis Borges Costa<sup>1</sup>; Elaine Maria Seles Dorneles<sup>1</sup>; Alessandro de Sá Guimarães<sup>2</sup>

<sup>1</sup>UFLA - Lavras - MG – Brasil

<sup>2</sup>Embrapa Gado de Leite - Juiz de Fora - MG - Brasil

**CONTRIBUIÇÃO PARA A SOCIEDADE**

A mastite é a doença infecciosa mais importante dentro da produção leiteira, portanto estudos como esse que nos dão uma melhor compreensão da epidemiologia da doença, contribuindo para processos de tomada de decisão mais informados na gestão de fazendas leiteiras.

**INTRODUÇÃO**

A produção de leite está entre as atividades econômicas mais importantes no Brasil, com mais de 35 milhões de litros produzidos em 2022, posicionando o país como o terceiro maior produtor de leite bovino do mundo. Dentro do território nacional, os estados do sudeste se destacam como o principal polo dessa atividade, consolidando sua liderança na produção de leite. Na produção leiteira, existem vários desafios sanitários, sendo a mastite o mais proeminente, responsável por consideráveis perdas econômicas. Estas incluem despesas com veterinários e medicamentos, diminuição da produção de leite e o descarte prematuro de animais infectados. A mastite também é causada por patógenos de natureza zoonótica, representando um risco significativo para a saúde humana. A mastite é caracterizada pela inflamação da glândula mamária, que pode ser desencadeada por vários fatores, incluindo infecções causadas por patógenos. Entre os patógenos mais comuns responsáveis por essa doença estão *Streptococcus agalactiae*, *Staphylococcus aureus*, *Escherichia coli*, *Staphylococcus não-aureus* e *Klebsiella pneumoniae*, entre muitos outros. A mastite pode se apresentar de duas formas diferentes, clínica e subclínica. Na sua forma clínica, a doença leva ao desenvolvimento de sinais de inflamação da glândula mamária, como vermelhidão, edema e dor, bem como sinais clínicos gerais no animal, como febre, taquipneia, perda de apetite, entre outros. Na sua forma subclínica, esses sinais clínicos não são observados, afetando apenas a produção do animal e levando a um aumento na contagem de células somáticas (CCS) e bactérias presentes no leite. Outra forma de classificar a mastite é diferenciando entre ambiental e contagiosa, dependendo da origem do patógeno responsável pela doença. A mastite ambiental é causada por patógenos presentes nos ambientes onde o animal circula, enquanto a mastite contagiosa é causada por patógenos transmitidos entre animais. A grande diversidade de possíveis patógenos causadores da doença destaca a importância de isolar e identificar o microrganismo responsável pela mastite para uma compreensão adequada da dinâmica da doença no rebanho e tratamento direcionado. Ao entender a prevalência e distribuição desses patógenos, podemos melhorar as práticas de manejo sanitário, minimizar perdas econômicas e melhorar a saúde geral do rebanho. Este estudo visa fornecer insights valiosos sobre a epidemiologia da mastite, contribuindo para processos de tomada de decisão mais informados na gestão de fazendas leiteiras. O objetivo deste estudo foi criar e analisar um banco de dados de três laboratórios diferentes que realizam diagnósticos e isolamentos de amostras suspeitas de mastite. E, a partir disso, descrever a ocorrência de patógenos causadores de mastite nos estados da região sudeste do Brasil, bem como casos de coinfeções.

**MATERIAL E MÉTODOS**

Para o trabalho, foram reunidas amostras isoladas de casos de mastite dos anos de 2009 a 2021. Os dados analisados são secundários, provenientes de três laboratórios diferentes em Minas Gerais: LISASC em Lavras, MG; Laboratório Cia do Leite em Lavras, MG; e Laboratório Mais Leite Soluções Zootécnicas em São João del-Rei, MG. As amostras foram analisadas ao longo desse período com provas bioquímicas seguindo os critérios internos de cada laboratório, que sederam os

dados que foram compilados em um banco. No total, o banco de dados criado contém 60.868 amostras, com 31.054 (51%) do Laboratório Cia do Leite, 15.870 (26,1%) do LISASC e 13.944 (22,9%) do Laboratório Mais Leite Soluções Zootécnicas.

Os dados foram analisados através do software STATA.

Entre as amostras recebidas pelos laboratórios, 941 (1,5%) não puderam ser processadas por vários motivos, como recipientes quebrados durante o transporte, amostras contaminadas, entre outros. As amostras foram consideradas contaminadas se apresentassem três ou mais isolados diferentes. Das amostras que puderam ser processadas, 17.091 (28,07% do total de amostras) não mostraram crescimento e foram consideradas resultados negativos.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os isolados tiveram origem em 1277 diferentes propriedades de diferentes regiões dentro da região sudeste do Brasil, das quais 30.422 (49,98%) não possuem informações sobre a localidade de origem, 29.551 (48,55%) são do estado de Minas Gerais, 839 (1,38%) são de São Paulo e 52 (0,09%) são do Rio de Janeiro. Quatro (0,01%) amostras são do Ceará, um estado fora da região sudeste, e portanto foram excluídas das análises.

Após serem removidas as amostras não processadas e com resultados negativos, Restaram 43.777 amostras, que resultaram em 50.059 isolados individuais distribuídos em 25 resultados diferentes, sendo os mais significativos os *Staphylococcus* não-aureus com 13.454 (26,86% dos isolados), *Staphylococcus aureus* com 11.731 (23,43% dos isolados), *Streptococcus agalactiae* com 6.852 (13,68% dos isolados), *Corynebacterium spp.* com 5.028 (10,04% dos isolados) *Bacillus spp* com 3.077 (6,14% dos isolados), *Streptococcus uberis* com 2.918 (5,83% dos isolados).

A presença de *Bacillus spp* pode ser um indicativo de contaminação.

Também foram observados 7229 casos de coinfeção entre dois microrganismos, sendo os principais padrões os seguintes: *S. aureus* e *S. uberis* (n=331, 4,6%), *Staphylococcus* não-aureus e *Bacillus spp* (n=380, 5,3%) *Staphylococcus* não-aureus e *S. uberis* (n=410, 5,7%), *Staphylococcus* não-aureus e *Corynebacterium spp* (n=420, 5,8%), *Staphylococcus* não-aureus e *Streptococcus spp.* (647, 9%), *Staphylococcus* não-aureus e *S. agalactiae* (662, 9,2%), *S. aureus* e *Streptococcus spp* (n=1035, 14,3%), *S. aureus* e *S. agalactiae* (n=1184, 16,4%).

## CONCLUSÃO

Com os resultados foi possível observar uma maior prevalência de microrganismos gram-positivos, além de um grande número de casos de coinfeção, os quais surpreendem ao observarmos que os agentes mais isolados não apresentaram muitos quadros de coinfeção entre si. A análise dos padrões de coinfeção pode contribuir para o desenvolvimento de medidas mais eficazes de prevenção e tratamento da mastite, e ao entendermos melhor a epidemiologia da doença iremos melhorar a sanidade animal e a qualidade do rebanho leiteiro como um todo.

## AGRADECIMENTOS

CAPES, CNPq, FAPEMIG, EMBRAPA e UFPA