

Título: Caracterização da virulência e resistência antimicrobiana de *Campylobacter* spp. procedentes de bovinos e ovinos do Nordeste Brasileiro.

Resumo: Objetivou-se com este estudo caracterizar a virulência e resistência antimicrobiana de *Campylobacter* spp. procedentes de bovinos e ovinos do Nordeste brasileiro. Foram analisadas 39 amostras de *Campylobacter fetus* subsp. *venerealis* procedentes de bovinos; 12 de *Campylobacter fetus* subsp. *fetus*, 11 de *Campylobacter jejuni* e 17 de *Campylobacter coli* procedentes de ovinos. A presença de genes de virulência (*cdtA*, *cdtB*, *cdtC*, *cadF*, *racR*, *dnaJ*, *ciaB*, *pldA*, *wlaN* e *virB11*) foi investigada a partir da Reação em Cadeia da Polimerase. O perfil genético de resistência aos antimicrobianos nas amostras de origem ovina foi pesquisado por sequenciamento de 23S rDNA, para identificação das mutações A2074G e A2075G e de fragmentos do gene *gyrA*, para identificação das mutações C257T e A256G. Nas amostras de *Campylobacter fetus* subsp. *venerealis*, quatro (10,25%) foram positivas para o gene *pldA*; cinco (12,82%) para o gene *racR* e outras duas amostras (5,12%) para *dnaJ*. Duas amostras (5,12%) foram positivas para *cdtA* e *cdtB* associados. Nenhuma amostra foi positiva para os genes *cdtC*, *ciaB*, *cadF*, *wlaN* e *virB11*. Na análise das amostras de *Campylobacter* spp. procedentes de ovinos 37 (92,50%) foram positivas para o gene *cdtA*, 30 (75,00%) para *cdtB* e 28 (70,00%) para *cdtC*. Na pesquisa do gene *cadF*, 38 (95,00%) amostras foram positivas. Para os genes *racR*, *dnaJ* e *ciaB* houve positividade de 32 (80,00%), 19 (47,50%) e 8 (20,00%), respectivamente. Apenas uma amostra apresentou o gene *pldA* e nenhuma apresentou os *wlaN* e *virB11*. Na análise genotípica de resistência antimicrobiana, todos os isolados apresentaram a mutação C257T no gene *gyrA*, mas a mutação A256G estava ausente. As mutações de 23S rDNA, A2074G e A2075G também não foram identificadas nos isolados. A partir dos resultados obtidos, observa-se a presença da maior parte dos genes de virulência pesquisados, com elevada capacidade de resistência às fluoroquinolonas nas amostras de ovinos. Desta forma, as amostras analisadas demonstraram expressivo potencial de virulência, o que é preocupante do ponto de vista de saúde pública.

Palavras-chave: análise genética; *Campylobacter* spp.; ruminantes; virulência.