

# GENÔMICA COPARATIVA E RELATO DE UMA NOVA LINHAGEM CIRCULANTE DE *STREPTOCOCCUS AGALACTIAE* DO SOROTIPO IB NO BRASIL

XVII Encontro Brasileiro de Patologistas de Organismos Aquáticos, 1<sup>a</sup> edição, de 04/10/2023 a 06/10/2023  
ISBN dos Anais: 978-65-5465-040-3

COSTA; Henrique Lopes <sup>1</sup>, ROSA; Júlio César Câmara<sup>2</sup>, PEREIRA; Felipe Luiz Pereira<sup>3</sup>, FIGUEIREDO;  
Henrique César Pereira Figueiredo <sup>4</sup>

## RESUMO

Entre os 10 sorotipos existentes de *Streptococcus agalactiae* (GBS), o sorotipo Ib é o mais predominante no Brasil. Devido à sua capacidade de afetar diversos hospedeiros, a tipagem bacteriana do *S. agalactiae* é essencial para vigilância epidemiológica, detecção de variantes emergentes e desenvolvimento de vacinas. O *Multilocus Sequence Typing* (MLST) é um método de tipagem molecular que, no caso do GBS, utiliza sete genes para agrupar os perfis alélicos idênticos em *Sequences Typing* (STs). Por sua vez, os STs são agrupados em complexo clonais (CCs) quando compartilham seis *loci* entre si. Atualmente MLST é o padrão-ouro para a tipagem de *S. agalactiae*. Este estudo tem como objetivo avaliar a distribuição dos STs em cepas de *S. agalactiae* sorotipo Ib isoladas no Brasil, assim como avaliar relação genômica entre os STs deste sorotipo. No total, 29 cepas de GBS do sorotipo Ib foram selecionadas do banco de amostras do Laboratório de Doenças de Animais Aquáticos da Universidade Federal de Minas Gerais. Esses isolados são oriundos de tilápia do Nilo de surtos de fazendas de seis estados (*i.e.*, BA, GO, MG, MT, PI e PR) entre os anos de 2019 e 2021. No momento da coleta, a espécie do patógeno foi confirmada pela técnica de MALDI-ToF MS, a sorotipagem realizada por soroaglutinação por látex. Para este trabalho, as cepas conservadas a -80°C foram descongeladas, estriadas e cultivadas em ágar Tryptona de Soja por 48 horas à 28°C, o DNA bacteriano foi extraído automaticamente. Para determinar ST e o CC das amostras foi realizado o processo de amplificação e sequenciamento capilar de Sanger dos sete genes. As sequências destes genes foram avaliadas pelo PubMLST e no software eBURST. O DNA de uma cepa representante de um novo ST identificado foi utilizado para o sequenciamento do genoma completo na plataforma Illumina MiSeq™. O programa Mauve foi utilizado para determinar a sintonia da sequência genômica entre cepas do sorotipo Ib com diferentes isolados disponíveis no GenBank. Todos os protocolos foram realizados conforme manual do fabricante e os aplicativos de software utilizados com seus parâmetros padrão. As análises de ST identificaram um novo tipo (ST-Novo) detectado em 66% (n=19), além do ST-927 em 27% (n=8) e ST-260 em 7% (n=2) das cepas. O ST-Novo foi detectado nos estados de GO, MG, MT e PR. Enquanto, os casos dos ST-927 e ST-260 foram detectados nos estados da BA e PI, respectivamente. Além disso, foi estabelecido o complexo clonal CC1525 (ST-257, ST-1525, ST-1525-like antigo *Non-typeable*, ST-Novo) com diversos STs de isolados já identificados no Brasil. A sintonia da sequência genômica aponta que as cepas de GBS possuem conteúdo similar, mas com disposição genética variada. Portanto, pode-se concluir que há a presença de um novo ST de *S. agalactiae* circulante no Brasil, com alta frequência observada nos estados da região Centro-Sul e, até o momento, entende-se que os diferentes STs deste sorotipo possuem sintonia considerável. Outras análises de genômica comparativas serão exploradas para caracterizar a plasticidade deste sorotipo e para auxiliar na produção de vacinas efetivas contra este novo ST.

**PALAVRAS-CHAVE:** Epidemiologia, Estreptococose, MLST, Sintonia gênica

<sup>1</sup> Universidade Federal de Minas Gerais , henrique.lopes.costa17@gmail.com

<sup>2</sup> Universidade Federal de Minas Gerais , jobhrama@gmail.com

<sup>3</sup> Universidade Federal de Minas Gerais , felipe@flpsw.com.br

<sup>4</sup> Universidade Federal de Minas Gerais , figueiredoh@yahoo.com

