



XI Encontro do Instituto Adolfo Lutz

Desafios do Laboratório de Saúde Pública: conhecer, monitorar e responder

04 a 07 de novembro de 2024

São Paulo/SP

e40735

• Biologia Médica

Epidemiologia molecular de *Haemophilus influenzae* isolados de doença invasiva, Brasil, 2022-2023

Rosemeire Cobo Zanella* , Sérgio Bokermann , Rosemeire Capoani Almendros, Ana Paula Silva de Lemos 

Núcleo de Meningites, Pneumonia e Infecções Pneumocócicas, Centro de Bacteriologia, Instituto Adolfo Lutz, São Paulo, SP, Brasil.

*Autor de correspondência: rosemeire.zanella@ial.sp.gov.br

Coordenadora da Comissão Científica: Adriana Pardini Vicentini

A doença invasiva por *Haemophilus influenzae* (Hi) ainda representa um importante desafio global para a saúde da população. O Centro de Bacteriologia do Instituto Adolfo Lutz (IAL) como Laboratório de Referência Nacional para as meningites e pneumonias bacterianas, caracterizou a diversidade genética de uma coleção de 217 isolados invasivos de Hi do período de 2022 a 2023, por meio do sequenciamento genômico. Dentre a coleção estudada, a maioria dos isolados invasivos de Hi não era encapsulada (HiNT – n = 113; 52,1%), e dentre os isolados de Hi encapsulados (n = 104; 47,9%), os sorotipos se distribuíram em sorotipo a (Hia; n = 59; 56,7%), sorotipo b (Hib; n = 39; 37,5%); sorotipo d (Hid; n = 2; 1,9%); sorotipo e (Hie; n = 2; 1,9%); sorotipo c (Hic; n = 1; 1,0%), e sorotipo f (Hif; n = 1; 1,0%). A análise de MLST revelou 54 tipos de sequências (STs), e descreve uma população diversa entre os isolados não encapsulados (NTHi), enquanto os isolados encapsulados se apresentaram geneticamente relacionados dentro de cada sorotipo. Dentre os isolados HiNT, os ST107 (7,1%), ST103 (6,2%) e ST3 (5,3%) foram os STs predominantes, enquanto isso dentre os isolados sorotipo a (Hia), 73% são ST23 e, entre os isolados do sorotipo b (Hib), 74,4% são ST6. Este é o resultado preliminar do primeiro estudo de caracterização genômica realizado pelo IAL para os isolados invasivos de *H. influenzae*. Este estudo confirma a diversidade genética entre os isolados de HiNT circulantes no Brasil, a predominância do ST23 e ST6, para os isolados de Hia e Hib, respectivamente, de acordo como a circulação global dos isolados Hi já descrita previamente em literatura. O presente estudo reforça a importância para monitoramento de emergência e persistência das linhagens invasivas de Hi, assim promovendo uma melhor compreensão na evolução e transmissão da doença.

Palavras-chave. *Haemophilus influenzae*, Tipagem de Sequência Multilocus, Brasil.