



## 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

e40742

• Coleções Biológicas

# Recaracterização das linhagens do acervo do Núcleo de Coleção de Micro-organismos pela metodologia de MALDI-TOF MS

Nicolas Vieira Guerra Castilho , Ingrid de Siqueira Pereira , Mário Ferreira de Medeiros Filho , Lígia Maria Bozzoli, Jefferson Santos Gomes Moreira, Nayra Gama Lacerda, Tânia Sueli de Andrade\* 

Núcleo de Coleção de Micro-organismos, Centro de Procedimentos Interdisciplinares, Instituto Adolfo Lutz, São Paulo, SP, Brasil.

\* Autor de correspondência: tania.andrade@ial.sp.gov.br

Coordenadora da Comissão Científica: Adriana Pardini Vicentini

Coleções de micro-organismos são fundamentais na conservação do patrimônio genético, pois promovem a guarda durante anos, proporcionando à comunidade científica acesso a riquíssimo conhecimento biológico. O Núcleo de Coleção de Micro-organismos, do Instituto Adolfo Lutz, possui um vasto acervo construído durante os últimos 80 anos, composto por 10.500 linhagens com mais de 70 gêneros de bactérias, fungos e protozoários que são fornecidos para LACENs, universidades e comunidade em geral, para serem utilizados como controle de qualidade de ensaios, desenvolvimento de produtos e pesquisas em diversas áreas. Portanto, o material fornecido deve ser de qualidade e autenticado. O surgimento de novas metodologias como a espectrometria de massas – MALDI-TOF MS, revolucionou a microbiologia e tornou-se necessária sua aplicação na recaracterização de grandes acervos como o do Núcleo de Coleção, considerando que linhagens mais antigas foram identificadas por metodologias fenotípicas que podem não refletir a taxonomia vigente. As análises foram realizadas de acordo com os protocolos indicados pelo fabricante Bruker® e outros adaptados de acordo com cada micro-organismo. Foram analisadas por MALDI-TOF MS, 490 linhagens mantidas liofilizadas, sendo 162 Gram positivas, 235 Gram negativas, 66 fungos filamentosos e 27 leveduras, representando um total de 94,5% de linhagens que corresponderam à identificação de origem. Destas, 36 Gram positivas, 27 Gram negativas, sete fungos filamentosos e uma levedura não corresponderam à identificação fenotípica inicial. A recaracterização do acervo deve ser aplicada sempre que novas metodologias de identificação são implantadas. Neste caso, podemos destacar métodos de identificação polifásica, unindo metodologias fenotípicas e moleculares para uma caracterização mais precisa. Esta abordagem é primordial para garantir a qualidade em coleções biológicas que fornecem material para a comunidade científica.

**Palavras-chave.** Espectrometria de Massas, Bactérias, Fungos.

**Comitê de Ética:** Não declarado pelos autores.

**Órgão Financiador:** Processo FESIMA – SEI 024.00074475/2024-31; FAPESP, Processos nº 2017/50333-7 e nº 2018/21192-9.