



## 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

e40726

• Genômica

# Epidemiologia molecular de *Streptococcus pyogenes* isolados de doenças invasivas nos anos de 2023 e 2024 das Regiões Sul e Sudeste do Brasil

Gisele Aparecida Bernardi<sup>1\*</sup> , José Ferreira da Cunha Neto<sup>1</sup> , Geiziane Aparecida Gonçalves<sup>1</sup> , Marcelo Pillonetto<sup>1</sup> ,  
Luiza Souza Rodrigues<sup>1</sup> , Lavinia Nery Villa Stadler Arend<sup>2</sup> 

<sup>1</sup> Bacteriologia Geral, Divisão dos Laboratórios de Epidemiologia e Controle de Doenças, Laboratório Central do Estado do Paraná, Curitiba, PR, Brasil.

<sup>2</sup> Diretoria Técnica, Divisão dos Laboratórios de Epidemiologia e Controle de Doenças, Laboratório Central do Estado do Paraná, Curitiba, PR, Brasil.

\*Autor de correspondência: gisele.bernardi@sesa.pr.gov.br

Coordenadora da Comissão Científica: Adriana Pardini Vicentini

A Organização Pan-Americana da Saúde emitiu um alerta epidemiológico do aumento de casos de doença invasiva causada por *Streptococcus pyogenes* em 2023, no qual recomenda a vigilância genômica do patógeno. No período de janeiro de 2023 a julho de 2024, o Laboratório Central do Estado do Paraná recebeu 226 isolados clínicos de *S. pyogenes* dos estados do Paraná, Minas Gerais, Rio Grande do Sul, Santa Catarina e Rio de Janeiro, para tipagem molecular. Entre os meses de abril e julho de 2024, foi realizado o sequenciamento completo de 106 destes isolados de casos clínicos de doença invasiva. Os isolados clínicos, previamente criopreservados, foram subcultivados e, a partir da cultura pura, foi realizada a extração de DNA. As bibliotecas para o sequenciamento de nova geração foram construídas utilizando o protocolo Illumina DNA Prep e o sequenciamento realizado na plataforma Illumina MiSeq. Do total, foi possível caracterizar o tipo de *emm* de 104 isolados, sendo identificada a circulação de 33 diferentes tipos de *emm*, com prevalência do *emm*1.0 (52/104; 50%), seguido pelo *emm*89.0 (8/104; 7,6%) e *emm*12.0 (7/104; 6,7%). Todos os demais tipos de *emm* foram identificados em apenas um ou dois isolados. Quanto à tipagem de sequências multilocus foi possível determinar o tipo de sequência de 98/106 (92%) genomas montados que revelaram 20 tipos de sequência distintos, dos quais sete são inéditos. O ST28 foi prevalente (53/98; 54%), seguido por ST36 (10/98; 10%) e ST101 (8/98; 8%). Os demais tipos de sequência foram representados por apenas um ou dois isolados. Estudos de genômica populacional são promissores por fornecerem novos conhecimentos, não apenas sobre a epidemiologia, mas também sobre a patogênese e biologia do microrganismo. As análises futuras dos genomas sequenciados permitirão a melhor compreensão da patogenicidade, evolução e disseminação de *S. pyogenes* no Brasil.

**Palavras-chave.** *Streptococcus pyogenes*, Doença Infecciosa, Tipagem Molecular.

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