



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

e40708

• Genômica

Caracterização genômica de isolados invasivos de *S. pneumoniae* do sorotipo 3 resistentes a antimicrobianos, Brasil, 2010-2023

Samanta Cristine Grassi Ameida^{1*} , Enéas de Carvalho² , Carlos Henrique Camargo³ , Monique Ribeiro Tiba Casas³ , Ana Paula Silva de Lemos¹ 

¹ Núcleo de Meningites, Pneumonias e Infecções Pneumocócicas, Centro de Bacteriologia, Instituto Adolfo Lutz, São Paulo, SP, Brasil.

² Laboratório de Bacteriologia, Instituto Butantan, São Paulo, SP, Brasil.

³ Núcleo de Doenças Entéricas e Infecções por Patógenos Especiais, Centro de Bacteriologia, São Paulo, SP, Brasil.

*Autor de correspondência: samanta.almeida@ial.sp.gov.br

Coordenadora da Comissão Científica: Adriana Pardini Vicentini

Em 2010, o Brasil introduziu a vacina pneumocócica conjugada 10-valente (PCV10) no programa nacional de imunização. Está documentado que a introdução das PCVs resultou em mudança no cenário epidemiológico da doença pneumocócica invasiva (DPI), o que destaca a importância do monitoramento contínuo para detectar possíveis alterações epidemiológicas e genéticas dos isolados de *S. pneumoniae* (*Spn*), o que é essencial para o desenvolvimento de novas vacinas. Atualmente, o sorotipo 3 é um dos mais prevalentes entre as DPI no Brasil, e também é causa comum de DPI em países que introduziram a vacina PCV-13. Este estudo caracterizou genomicamente os isolados invasivos de *Spn* do sorotipo 3 que, preferencialmente, apresentassem resistência antimicrobiana, recebidos no IAL entre 2010-2023. A partir do sequenciamento do genoma completo em 50 isolados realizamos análises *in silico*, para caracterizar linhagens genéticas e a circulação de isolados multirresistentes após a introdução da PCV10. Os resultados de determinação do sorotipo e perfil de suscetibilidade aos antimicrobianos obtidos por meio de análises *in silico* foram 100% concordantes com os dados obtidos por meio de técnicas fenotípicas. O estudo identificou os genes *cat* (n = 31/50, 62%), *ermB* (n = 36/50, 72%) e família *tetM* (n = 39/50, 78%), associados a resistência a cloranfenicol, eritromicina/clindamicina e tetraciclina, respectivamente. Não foi detectada resistência à penicilina, ceftriaxona, sulfametoxazol-trimetoprima, levofloxacina e rifampicina. Foram identificadas as linhagens CC180/GPSC12 (n = 39/50, 78%), CC480/GPSC51 (n = 7/50, 14%), ST1116/GPSC234 (n = 1/50, 2%) e ST15069/GPSC12 (n = 3/50, 6%). Na linhagem prevalente CC180/GPSC12 determinamos a presença dos, já descritos globalmente, clados Ia (n = 1/39, 2,6%), Iβ (n = 2/39, 5,1%) e II (n = 36/39, 92,3%). As linhagens CC180/GPSC12/CladoII (n = 33/50; 66%) e ST15069/GPSC12 (n = 3/50, 6%) foram prevalentes e associadas à resistência aos antimicrobianos eritromicina, clindamicina e tetraciclina. Os resultados obtidos demonstram linhagens prevalentes circulando com resistências múltiplas a antibióticos, trazendo assim uma melhor compreensão da evolução, transmissão e dinâmica da DPI na era pós-introdução das PCVs.

Palavras-chave. *Streptococcus pneumoniae*, Resistência a Antibióticos, Sequenciamento do Genoma Completo.

Comitê de Ética: Não declarado pelos autores.

Órgão Financiador: FAPESP 2021/14465-1.