

**Anais do XII Simpósio Brasileiro de Microbiologia Aplicada / V Encontro
Latino-Americano de Microbiologia Aplicada**
**Memorias del XII Simposio Brasileño de Microbiología Aplicada / V Encuentro
Latinoamericano de Microbiología Aplicada**

**CARACTERIZAÇÃO GENÔMICA DE CEPAS BRASILEIRAS DE *Escherichia coli* CAUSADORAS DE
MENINGITE NEONATAL.**

Simone Iahnig Jacques¹, Tobias Weber Martins¹, Marisa Ribeiro de Itapema Cardoso¹, Caroline Pissetti¹,
Luis Fernando dos Santos², Fabiana Horn¹

(monijac@gmail.com)

1 – Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS), RS.

2 – Instituto Adolfo Lutz (IAL), SP.

A *Escherichia coli* patogênica extraintestinal (ExPEC) é responsável por várias infecções fora do trato gastrointestinal em humanos, animais de criação e animais de estimação. Muitos estudos mostram que as ExPECs compartilham vários fatores de virulência, apesar de terem sido isoladas de diferentes hospedeiros e nichos. A *E. coli* causadora de meningite neonatal (NMEC), um dos sub-patótipos de ExPEC, surgiu como a principal causa de meningite neonatal entre recém-nascidos prematuros de muito baixo peso ao nascer (<1,5 kg). No entanto, há apenas informações limitadas sobre a epidemiologia da NMEC, particularmente no Brasil. Nosso objetivo foi montar uma coleção de cepas brasileiras de NMEC e caracterizá-las genotipicamente *in silico*. Neste trabalho, sequenciamos o genoma e caracterizamos 11 cepas de NMEC obtidas de LCR de bebês com meningite, 10 isoladas em hospitais da cidade de São Paulo entre 1985 e 1990, e uma cepa isolada em um hospital do Espírito Santo em 2018, cedidas pelo IAL, SP. O *status* de clonalidade dos 12 isolados foi verificado por PFGE; dois isolados apresentaram o mesmo padrão no PFGE e, portanto, 11 cepas foram enviadas para o sequenciamento do genoma total usando *Illumina*® (empresa MicrobesNG). Os genomas foram analisados *in silico* quanto ao seu *status* filogenético, sorotipo, *multilocus sequence typing* (MLST) e genes de virulência associados ao patótipo ExPEC. Das 11 cepas obtidas até agora, três pertenceram ao sorotipo O1:K1:H7, três ao O6:K1:H31, duas ao O7:K1:-, uma ao O7:K1:H45, uma ao O5:H10, uma ao -:H33 e uma cepa foi de antígeno O:H:K não específico. O MLST realizado *in silico* (<https://pubmlst.org/escherichia/>) revelou três cepas ST59, três ST62, duas ST127, uma ST48, uma ST93 e uma cepa não classificada. Verificamos o grupo filogenético ECOR *in silico* usando o método de Clermont (<http://clermontyping.iame-research.center/>). Enquanto os estudos epidemiológicos disponíveis sobre NMEC mostram que elas pertencem principalmente aos filogrupos B2 e D, encontramos em contraste seis cepas pertencentes ao grupo F, três ao grupo A e apenas duas ao grupo B2. Também realizamos PCR *in silico* usando o software IPCRESS para verificar a presença de genes de virulência. Dos 63 genes avaliados, todas as 11 cepas sequenciadas possuem pelo menos 19 genes, e uma cepa (IAL42) possui 39 genes. Este representa o primeiro trabalho epidemiológico de caracterização da virulência de cepas NMEC brasileiras sequenciadas.

Palavras-chave: *E. coli*, meningite neonatal, genoma, virulência, MLST.

Agência de fomento: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).