



ANÁLISE COMPARATIVA DAS ILHAS DE PATOGENICIDADE PRESENTES EM GENOMAS DE LINHAGENS DE *Streptococcus agalactiae* ISOLADAS DE DIFERENTES HOSPEDEIROS

Cesar Toshio Facimoto¹, **Leonardo Mantovani Favero**, Ulisses de Pádua Pereira
¹Mestrando pelo programa de pós-graduação em Ciência Animal da Universidade Estadual de Londrina. upaduapereira@uel.br

Streptococcus agalactiae é um agente etiológico bacteriano capaz de acometer diferentes hospedeiros, causando sepse neonatal em humanos, mastite em bovinos e meningoencefalite em peixes. O potencial zoonótico desse agente já foi descrito em várias espécies, no entanto, relatos associados ao consumo de peixe são atípicos. Recentemente, um surto de *S. agalactiae* em humanos imunocompetentes foi associado ao consumo de peixe cru em Singapura, portanto, faz-se necessário o desenvolvimento de estudos para o melhor entendimento desse agente. Considerando a importância econômica e em saúde pública desta bactéria, o presente trabalho teve como objetivo identificar ilhas de patogenicidade do genoma da cepa S13, isolada de um surto de estreptococose em tilápias na cidade de Alvorada do Sul, Paraná, em 2015 pelo Laboratório de Bacteriologia em Peixes da UEL, e compará-la com outros genomas de *S. agalactiae* isolados de humanos (2), bovinos (2), peixes (3) e iogurte (1) depositados no GenBank. A análise e identificação das ilhas genômicas foi processada através da ferramenta GIPSy. O genoma da cepa S13 (GenBankID: CP018623) foi utilizado como referência patogênica e comparado ao da cepa *Streptococcus thermophilus* CNRZ1066 (GenBankID: CP000024), isolada de iogurte e utilizada como modelo não patogênico nessa análise. A análise comparativa dos genomas selecionados para visualização das ilhas genômicas identificadas na cepa S13 foi realizada através da ferramenta *BLAST Ring Image Generator* (BRIG). Dentre as ilhas genômicas identificadas na cepa S13, 14 foram classificadas como possíveis ilhas de patogenicidade. As cepas isoladas de tilápia não apresentaram deleções em seu genoma, enquanto cepas de bovinos e humanos tiveram deleções consideráveis nas ilhas GEI2 (*Locus tag*: BTH44_05105-BTH44_05180), PAI4 (*Locus tag*: BTH44_05450-BTH44_05510), PAI7 (*Locus tag*: BTH44_08705-BTH44_08945) e PAI2 (*Locus tag*: BTH44_01240-BTH44_01465). Portanto, é possível inferir que os produtos provenientes de ilhas apresentando deleções em cepas de humano e bovinos estão relacionadas à virulência desse agente exclusivamente em peixes. Todas as ilhas identificadas foram checadas no genoma anotado da cepa S13. Em geral, todas as ilhas apresentaram uma alta frequência de regiões codificantes sem produtos definidos, também chamados de proteínas hipotéticas. Embora estes produtos não estejam classificados por homologia de proteínas, estes podem estar relacionados a algum mecanismo de virulência do patógeno. Além disso, foram encontrados produtos identificados como bacteriocinas, transportadores de drogas e genes de resistência à estreptomicina. Para reforçar os resultados obtidos neste estudo é necessário investigar a ocorrência de ilhas genômicas em outros isolados de bovinos e humanos, com o objetivo de identificar as proteínas presentes em ilhas de patogenicidade comuns aos isolados em diferentes hospedeiros. Assim, será possível colaborar com novos estudos que avaliem se as regiões em comum entre os isolados podem influenciar o potencial zoonótico das cepas.

Palavras-chave: Estreptococose. Ilhas genômicas. Potencial zoonótico.

Fonte de Financiamento: CAPES.