

## VAC.02 - Perfil epidemiológico de cepas de *Neisseria meningitidis* sorogrupo C circulantes no Brasil no período pré e pós vacinal

Aline Carvalho de Azevedo<sup>1\*</sup>; Ivano de Filippis<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Fiocruz/INCQS.

### Introdução:

A doença meningocócica (DM) é uma infecção grave causada pela bactéria *Neisseria meningitidis*, também conhecida como meningococo. A DM invasiva pode se manifestar como meningite ou septicemia. A doença é fatal em até 80% dos casos não tratados. A DM é uma doença de grande preocupação para a saúde pública, principalmente pela sua epidemiologia global.

A diversidade e a dinâmica das populações de *N. meningitidis* necessitam de sistemas de tipificação de alta resolução para a vigilância da DM. Estudos por tipificação molecular como a metodologia do MLST (Multilocus Sequence Typing) têm permitido um melhor entendimento da disseminação do meningococo, assim como nas relações existentes entre doença endêmica e epidêmica e na determinação das relações entre isolados em surtos localizados.

### Objetivo:

Determinar o perfil epidemiológico de cepas de *N. meningitidis* circulantes no Brasil nos períodos pré e pós vacinal, atendendo às exigências de constante aperfeiçoamento na formulação de vacinas.

### Metodologia:

1) Cepas de *N. meningitidis* - foram analisadas 120 cepas de origem clínica no período de 2007 a 2016, provenientes dos estados Rio de Janeiro, São Paulo, Pernambuco e Bahia, todas classificadas como sorogrupo C.

2) MLST - amplificação e sequenciamento de fragmentos internos de 450-500 pares de base de sete genes constitutivos: *abcZ* (transportador putativo ABC), *adk* (adenilato-quinase), *aroE* (chiquimato desidrogenase), *fumC* (fumarato hidratase), *gdh* (glicose-6-fosfato desidrogenase), *pdhC* (piruvato desidrogenase), *pgm* (fosfoglucomutase). Utilização de um banco de dados ([pubmlst.org/neisseria/](http://pubmlst.org/neisseria/)) para determinação de alelos, tipos sequenciais (STs) e complexos clonais (cc).

### Resultado:

Uma grande diversidade de tipos sequenciais foi observada, totalizando 39 diferentes ST. O mais prevalente foi o ST-3780, pertencente ao complexo clonal ST-103 e normalmente associado ao sorogrupo C, que é atualmente o sorogrupo mais frequente no Brasil. Até o presente momento, 13 STs ainda não foram associados a nenhum complexo clonal. Quatro cepas apresentaram perfil clonal que não se relacionou a nenhum ST depositado no banco de dados. Assim, dois novos ST serão sugeridos ao banco. Os complexos clonais ST-11 e ST-8 normalmente associados ao sorogrupo C não foram identificados no período pós vacinal, sugerindo que a introdução da vacina MenC conjugada em 2010 pode ter contribuído para a seleção de cepas do cc103, alterando a epidemiologia da DM no Brasil. O fenótipo circulante mais prevalente no Brasil no período estudado foi: C: P1.22, 14-6: F3-9: ST-3780 (cc103).

### Conclusão:

Os dados gerados são essenciais para a gestão nacional mais eficaz da DM, além de serem inestimáveis nos estudos de biologia e evolução da população de meningococos. A constante atualização de informações referentes ao microrganismo responsável por uma doença grave é importante para a confirmação da eficácia da vacina atualmente disponibilizada no país.

**Palavras-chave:** *Neisseria meningitidis*; Epidemiologia molecular; MLST