

V12 - COQUELUCHE NO BRASIL: CARACTERIZAÇÃO DE LINHAGEM DE *Bordetella pertussis* PÓS-VACINAL

Diego D. Cambuy, Fernanda Freitas, Érica M. Scheidegger, Érica Fonseca, Flávio Rocha da Silva, Ana Carolina P. Vicente

Laboratório de Genética Molecular de Microrganismos

Instituto Oswaldo Cruz

Coqueluche é uma infecção do trato respiratório que tem como principal agente etiológico a bactéria *Bordetella pertussis*. A imunoprevenção é feita, desde os anos 50, com vacinas de células inativadas ou acelulares compostas por proteínas imunogênicas: toxina pertussis, pertactina e fímbrias. Esta é a doença imunoprevenível mais comum no ocidente onde tem sido observado um substancial aumento de casos nos últimos anos. Diferenças entre isolados de *B. pertussis* do período pré e pós-vacinal foram observadas em diversos países com alta cobertura vacinal. Estas diferenças estão presentes em algumas das proteínas imunogênicas, o que poderia ter como consequência a diminuição ou perda da eficácia da vacina. No Brasil, surtos de coqueluche vem acontecendo nos últimos anos em todos os estados que poderiam ser determinados por falta de cobertura vacinal e/ou circulação de novas linhagens do patógeno.

Objetivos: Caracterização genética de isolados de *B. pertussis* do Brasil, considerando genes de virulência, que codificam proteínas usadas na composição da vacina acelular, e genes do genoma estável.

Metodologia: Isolados de *B. pertussis* dos anos de 2008 e 2009 de surtos nos estados do Rio Grande do Sul e de Alagoas foram analisados por duas abordagens de MLST, uma baseada em genes de virulência e outra em genes *housekeeping*, para a determinação de sua relação clonal. Foi feito PCR e sequenciamento dos genes: *adhA*, *fimC*, *tyrB*, *icd*, *pepA*, *pgm* (genoma estável) e para os genes de virulência: *ptxP* (região promotora do gene da toxina), *ptxA* (toxina pertussis), *prn* (pertactina) e *fim3* (fimbria sorogrupo 3).

Resultados: Ambas as abordagens de MLST revelaram a presença de um único perfil alélico e, portanto de uma única linhagem circulante nestas regiões do Brasil. Essa

linhagem é caracterizada pelo perfil alélico ptxp3-ptxA1-prn2-fim3B, e ST 1, que é o mesmo da linhagem pós-vacinal prevalente em países com alta cobertura vacinal em todo o mundo. Este perfil é distinto daqueles presentes nas linhagens usadas para a produção de vacina, incluindo a produzida no Brasil, que é ptxp2-ptxA4-prn1-fim3A. Esses resultados demonstram que, também no Brasil, infecções por *B. pertussis* estão sendo determinadas por linhagem adaptada a um “ambiente vacinado”.