

DIVERSIDADE GENÉTICA DE *Streptococcus equi* subsp. *equi* ISOLADOS DE EQUÍDEOS

Gustavo Soares Almeida; Raffaella Bertoni Cavalcanti Teixeira Santos; Maria Aparecida Scatamburlo Moreira; Anaïs de Castro Benitez; Ana Júlia Silva Moreira; Lucas Fernando dos Santos.

ODS 4: EDUCAÇÃO DE QUALIDADE

Pesquisa

Introdução

A adenite equina, também conhecida como garrotilho, é uma doença infectocontagiosa de alta prevalência em equinos, sendo considerada uma das mais comuns globalmente entre as doenças respiratórias da espécie. O conhecimento da diversidade genética de seu agente etiológico, *Streptococcus equi* subsp. *equi* (*S.equi*), é fundamental para rastrear a origem de surtos, compreender a relação entre isolados locais e cepas previamente descritas em âmbito nacional e internacional, além de caracterizar a variabilidade de fatores de virulência envolvidos nos mecanismos de invasão do hospedeiro.

Objetivos

Objetiva-se, com o presente trabalho, avaliar a diversidade genética de 22 isolados de *Streptococcus equi* subsp. *equi*, oriundos de coletas realizadas nos estados de Minas Gerais e Rio de Janeiro entre os anos de 2012 e 2024, bem como traçar o perfil de resistência antimicrobiana dos isolados.

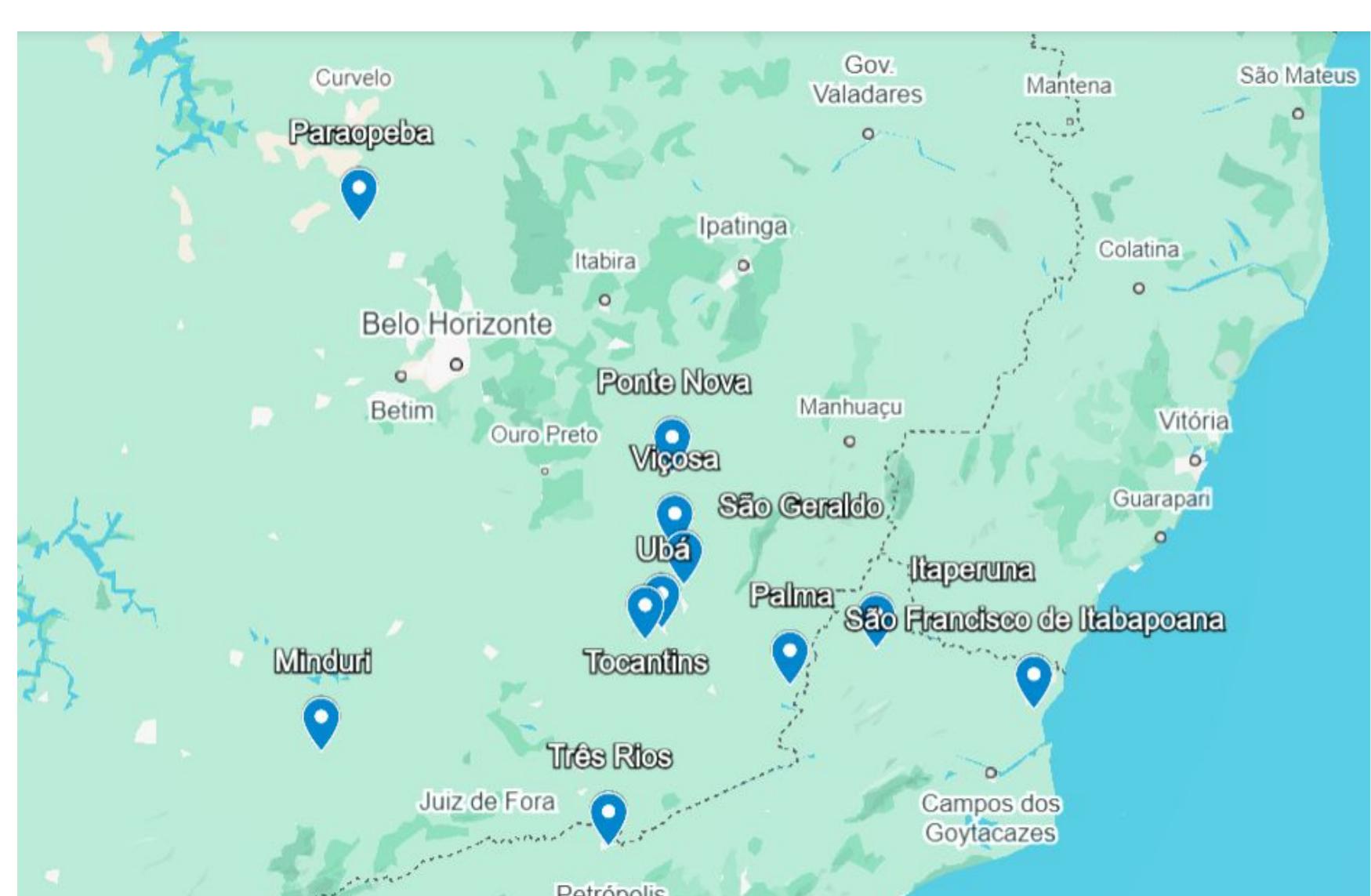


Figura 01. Mapa de localização das cidades onde houveram propriedades com coleta das amostras avaliadas na pesquisa. Os pontos azuis correspondem às cidades em que houve coleta de amostras.

Materijis e Métodos

Para isso, realizou-se testes bioquímicos de fermentação de lactose, sorbitol e trealose, análise por Reação em Cadeia de Polimerase (PCR) e sequenciamento Sanger da proteína M e teste de disco-difusão com os seguintes antimicrobianos: penicilina, ceftiofur, ampicilina, gentamicina, enrofloxacina, azitromicina, doxiciclina, tetraciclina, florfenicol, imipenem e sulfametoxazol-trimetoprim.

Resultados e discussão

Através da análise bioquímica e dos resultados de PCR, as 22 amostras foram confirmadas como *S. equi*. O sequenciamento Sanger revelou alta similaridade entre os isolados (97,3% a 100%). Na comparação com sequências disponíveis em bancos de dados internacionais, foram encontradas 14 sequências homólogas com alta identidade (98,65% a 100%), provenientes da Holanda, Egito, Reino Unido e Cazaquistão – nenhuma delas oriunda do Brasil. Nas sequências analisadas, foram identificados dois alelos (1 e 270) entre os 22 isolados de *S. equi*, sendo que sete apresentaram correspondência exata com o alelo 1, seis com o alelo 270, e nove mostraram correspondência parcial com este último. No teste de disco-difusão, realizado conforme os protocolos do CLSI e

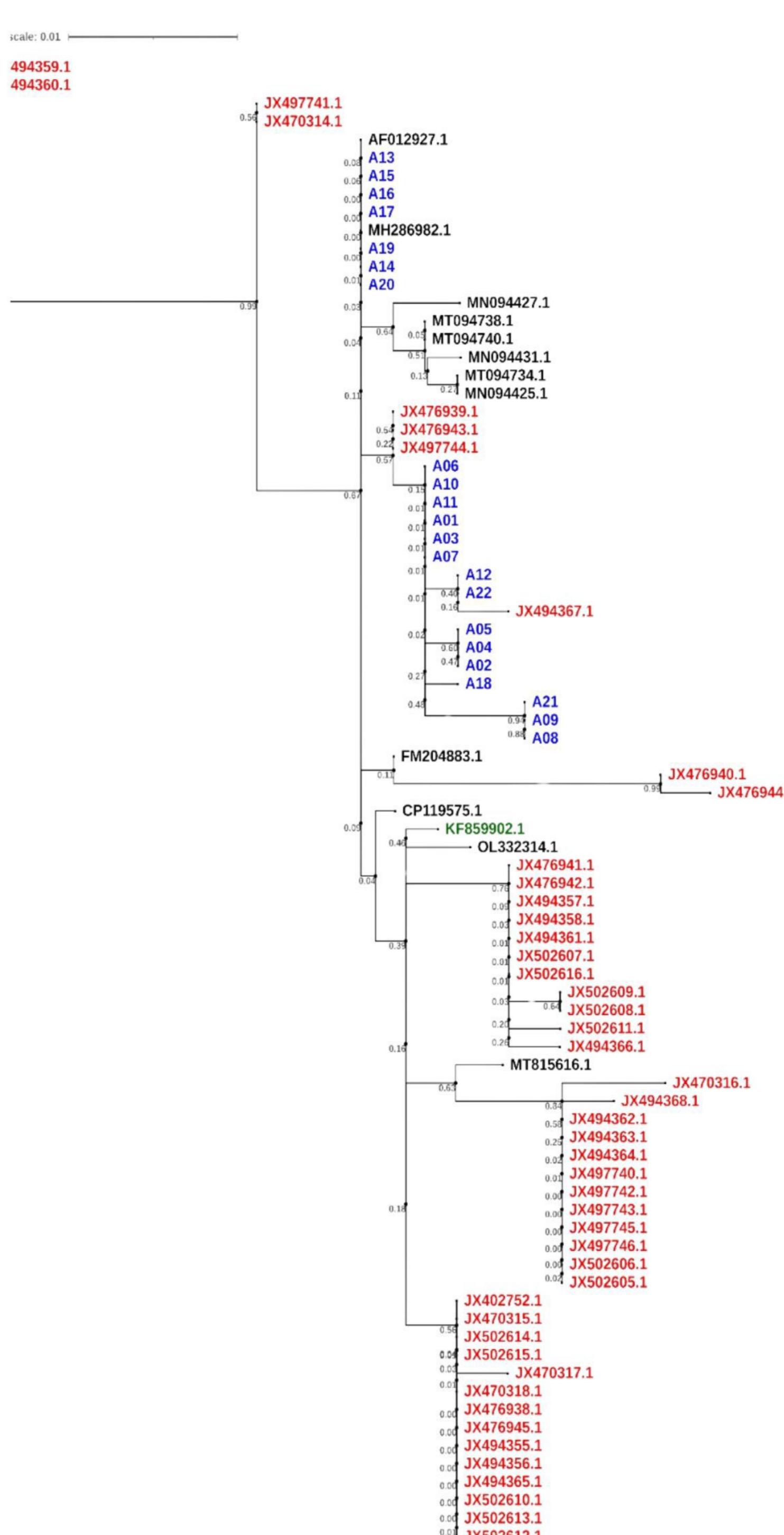


Figura 2. Árvore filogenética das sequências de DNA com isolados de *Streptococcus equi* avaliadas (em azul), isolados de Libardoni (2013) (em vermelho), isolado de referência KF859902.1 (em verde) e com sequências homólogas com similaridade superior a 98% disponíveis no GenBank (em preto).

Conclusões

Diante desse cenário, torna-se essencial o desenvolvimento de estudos que caracterizam os isolados bacterianos circulantes em Minas Gerais, com o objetivo de compreender melhor a diversidade genética do agente, mapear possíveis fontes de infecção, monitorar a resistência antimicrobiana e subsidiar estratégias mais eficazes para o controle da adenite equina.

Bibliografia

- BOYLE, A. G. Strangles and its complications. *Equine Veterinary Education*, v. 29, n. 3, p. 149-157, 2017.

BOYLE, A. G. et al. *Streptococcus equi* infections in horses: guidelines for treatment, control, and prevention of strangles—revised consensus statement. *Journal of veterinary internal medicine*, v. 32, n. 2, p. 633-647, 2018.

LIBARDONI, Felipe et al. Prevalence of *Streptococcus equi* subsp. *equi* in horses and associated risk factors in the State of Rio Grande do Sul, Brazil. *Research in Veterinary Science*, v. 104, p. 53-57, 2016.

TIMONEY, J.F.; MUKHATAR, M.M. The protective M proteins of the equine group C streptococci. *Veterinary Microbiology* n. 37, p. 389-395 ,1993.

TIMONEY, John F.; ARTIUSHIN, Sergey C.; BOSCHWITZ, Jeffrey S. Comparison of the sequences and functions of *Streptococcus equi* M-like proteins SeM and SzPSe. *Infection and Immunity*, v. 65, n. 9, p. 3600-3605, 1997.

TIMONEY, John. The pathogenic equine streptococci. *Veterinary Research*, v. 35, n. 4, p. 397-409, 2004. DOI: 10.1051/vetres:2004025.

Apoio Financeiro