

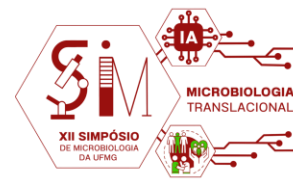


XII SIMPÓSIO DE MICROBIOLOGIA DA UFMG

Microbiologia Translacional

03 a 05 de Dezembro de 2025

Belo Horizonte, Minas Gerais, Brasil



INTEGRAÇÃO DE ESPECTROMETRIA DE MASSAS MALDI-TOF, TESTES DE SUSCEPTIBILIDADE AOS ANTIMICROBIANOS E ANÁLISES DE PANGENOMA NA CARACTERIZAÇÃO DE *Corynebacterium pseudotuberculosis*

RODRIGUES M. L. C.^{1*}; ARAUJO M. R. B.^{1,2}; CASTRO D. L. C.¹; ALFREDOVICH G. A.¹;
RODRIGUES E. B.^{1,2}; COSTA V. D. C.¹; RIBEIRO R. A.¹; FACCIOLI-MARTINS P. Y.³;
AZEVEDO V.¹

¹Departamento de Genética, Ecologia e Evolução, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brasil;

²Núcleo Técnico Operacional, Microbiologia, Instituto Hermes Pardini, Vespasiano, Minas Gerais, Brasil;

³Pesquisadora da Embrapa Caprinos e Ovinos, Sobral, Ceará, Brasil.

*E-mail: leticiacr2002@gmail.com

Corynebacterium pseudotuberculosis é um patógeno Gram-positivo de relevância médica e veterinária, associado à linfadenite caseosa em pequenos ruminantes e à linfangite ulcerativa em equinos. Este estudo teve como objetivo caracterizar vinte linhagens brasileiras de *C. pseudotuberculosis* e explorar sua diversidade genômica por meio de análises pangenômicas. As linhagens, representativas do biovar *ovis*, foram identificadas por SM MALDI-TOF, submetidas ao teste de susceptibilidade aos antimicrobianos seguindo as diretrizes do BrCAST. O DNA foi extraído seguindo as recomendações do fabricante e o sequenciamento genético realizado pela plataforma Illumina® HiSeq 2500. Os dados foram processados em um pipeline de bioinformática baseado nas ferramentas PPanGGolIN e EggNOG-mapper, dentre outras, permitindo a inferência funcional e estrutural do repertório gênico da espécie. A análise revelou um pangenoma composto por 2.563 famílias gênicas, das quais 1.804 (70,4%) compõem o genoma central, 472 (18,4%) o acessório e 287 (11,2%) correspondem a genes únicos. A curva de rarefação indicou tendência ao fechamento do pangenoma, sugerindo um repertório gênico conservado. A distribuição funcional das categorias COG (cluster de genes ortólogos) evidenciou predominância de genes relacionados ao metabolismo de aminoácidos, transporte e defesa celular, seguidos por funções associadas à replicação, recombinação e reparo do DNA, refletindo a estabilidade genômica e a capacidade adaptativa do microrganismo. Genes exclusivos foram identificados em algumas linhagens, notadamente associados a resistência a metais pesados, transporte ABC e fatores de virulência, sugerindo potenciais mecanismos adaptativos ao hospedeiro e ao ambiente. Evidenciamos que o pangenoma de *C. pseudotuberculosis* tende ao fechamento, sustentando a hipótese de uma espécie conservada e adaptada a nichos ecológicos restritos, condizentes com as infecções relatadas.

Apoio financeiro: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - CAPES

Palavras-chave: *Corynebacterium pseudotuberculosis*; genômica comparativa; pangenoma; diversidade genética; evolução bacteriana.