

THE LANCET

Microbe

Supplementary appendix 1

This translation in Portuguese was submitted by the authors and we reproduce it as supplied. It has not been peer reviewed. The *Lancet*'s editorial processes have only been applied to the original in English, which should serve as reference for this manuscript.

Esta tradução em português foi submetida pelos autores e nós não fizemos quaisquer alterações. Esta versão não foi revista por pares. O processo editorial do *Lancet* só foi aplicado à versão original em inglês, que deve servir como referência para este artigo.

Supplement to: Ribeiro dos Santos A, Misas E, Min B, et al. Emergence of zoonotic sporotrichosis in Brazil: a genomic epidemiology study. *Lancet Microbe* 2024. [https://doi.org/10.1016/S2666-5247\(23\)00364-6](https://doi.org/10.1016/S2666-5247(23)00364-6)

Supplementary summary

Resumo

Introdução Esporotricose zoonótica é uma doença fúngica negligenciada, onde surtos são causados principalmente por *Sporothrix brasiliensis*, e associados à transmissão de gatos para humanos. Para entender a emergência dessa micose e sua elevada ocorrência em diferentes regiões do Brasil, epicentro da atual epidemia ocorrendo na América do Sul, nosso objetivo foi descrever a epidemiologia molecular através do sequenciamento completo de genoma.

Métodos Neste estudo genômico epidemiológico, nós incluímos isolados de *Sporothrix* spp provenientes de casos de esporotricose no Brasil, Colômbia e Estados Unidos. Nós realizamos o sequenciamento completo de genoma utilizando a plataforma de sequenciamento *Illumina NovaSeq* nos isolados coletados por três laboratórios no Brasil, provenientes de humanos e gatos com esporotricose ocorridos entre 1999 e 2022. Todos os isolados que tiveram o gênero *Sporothrix* confirmados pelo sequenciamento do espaço interno transcrito (ITS) e beta-tubulina (BT) por PCR foram incluídos neste estudo. Nós baixamos oito sequências do genoma de *Sporothrix* do *National Center for Biotechnology Information* (seis do Brasil e dois da Colômbia). Três sequências do genoma de *Sporothrix* spp dos Estados Unidos foram gerados pelo *Centers for Disease Control and Prevention*, Estados Unidos, como parte desse estudo. Nós realizamos análise filogenética e correlacionamos a distribuição geográfica e temporal dos casos com as características genotípicas dos isolados de *Sporothrix* spp.

Resultados 72 isolados de *Sporothrix* spp de 55 casos humanos e 17 casos animais foram incluídos: 67 (93%) foram do Brasil, 2 (3%) da Colômbia e 3 (4%) dos Estados Unidos. Os casos abrangem de 1999 a 2022. A maioria (61 [85%]) dos isolados foram identificados como *S. brasiliensis* e foram todos oriundos do Brasil. Dez (14%) foram identificados como *S. schenckii* e foram procedentes do Brasil, Estados Unidos e Colômbia. A análise filogenética mostrou dois clados diferentes para os isolados de *S. schenckii*, nos quais a distribuição de isolados em cada clado estava em concordância com a distribuição geográfica dos casos. Para os isolados de *S. brasiliensis*, cinco diferentes clados, separados por mais de 100.000 polimorfismos de

nucleotídeo único (SNPs), foram identificados. Entre os cinco clados de *S. brasiliensis*, clado A e C continham isolados de gatos e humanos, e o clado A continha isolados provenientes de seis estados do Brasil. Observou-se, ainda, maior diversidade genética entre isolados de *S. schenckii* de um mesmo clado, coletados de casos humanos e animais, quando comparados com isolados de *S. brasiliensis*.

Interpretação Nossos resultados sugerem que a epidemia em andamento no Brasil, causada por *S. brasiliensis*, é caracterizada por diversos eventos independentes de emergência de novas populações, seguida pela transmissão de gatos para gatos e gatos para humanos, dentro e entre diferentes estados do Brasil. Estes resultados descrevem como *S. brasiliensis* pode emergir e se espalhar em um território de um grande país.

Financiamento: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior; Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo; Conselho Nacional de Pesquisa e Desenvolvimento Científico (CNPq) e Ministério da Ciência e Tecnologia do Brasil.

Direitos autorais © 2024 O(s) Autor(es). Publicado pela Elsevier Ltd. Este é um artigo de acesso aberto sob a licença CC BY-NC-ND 4.0.