



XI Encontro do Instituto Adolfo Lutz

Desafios do Laboratório de Saúde Pública: conhecer, monitorar e responder








04 a 07 de novembro de 2024

São Paulo/SP

e40601

• Biologia Médica

Identificação de isolados do gênero *Aeromonas* por espectrometria de massas (MALDI-TOF) e sequenciamento de genoma completo: um estudo comparativo

Thais Vieira¹ , Gisele Lozano Costa¹ , Amanda Maria de Jesus Bertani¹ , Amanda Yaeko Yamada¹ , Carlos Henrique Camargo¹ , Marta Inês Cazentini Medeiros² , Monique Ribeiro Tiba Casas¹ 

¹ Núcleo de Doenças Entéricas e Infecções por Patógenos Especiais, Centro de Bacteriologia, Instituto Adolfo Lutz, São Paulo, SP, Brasil.

² Núcleo de Ciências Biomédicas, Centro de Laboratório Regional de Ribeirão Preto, Instituto Adolfo Lutz, Ribeirão Preto, SP, Brasil.

*Autor de correspondência: tha-vieira@hotmail.com

Coordenadora da Comissão Científica: Adriana Pardini Vicentini

As bactérias do gênero *Aeromonas* estão amplamente distribuídas em ambientes aquáticos, sendo consideradas patógenos emergentes frequentemente associados a surtos de doenças em peixes, além de poderem ocasionar doenças gastrointestinais e extraintestinais em humanos. Atualmente, 36 espécies são reconhecidas, porém a identificação através de testes bioquímicos pode ser inconclusiva. Dada a importância para a Saúde Pública e relativa falta de estudos sobre cepas de origem clínica no Brasil, o desenvolvimento de técnicas de identificação precisas desses microrganismos torna-se indispensável para a compreensão da patogenia associada a algumas espécies. O objetivo deste trabalho foi realizar a identificação de isolados do gênero *Aeromonas* pela espectrometria de massas (MALDI-TOF) e comparar os resultados com os dados obtidos pelo sequenciamento de genoma completo. Oitenta e nove isolados de *Aeromonas* spp., de origem humana, animal e ambiental, foram classificados em oito espécies, de acordo com o método ouro para identificação de espécies obtidas pelo sequenciamento de genoma completo: *A. hydrophila* (33), *A. caviae* (23); *A. veronii* (16), *A. dhakensis* (7), *A. jandaei* (4), *A. rivipollensis* (3), *A. media* (2) e *A. allosaccharophila* (1). Os resultados obtidos pelo MALDI-TOF demonstraram alta correlação com os resultados do sequenciamento, identificando corretamente as cepas de *A. hydrophila*, *A. caviae*, *A. jandaei* e *A. veronii*. No entanto, para as espécies *A. dhakensis*, *A. media*, *A. allosaccharophila* e *A. rivipollensis*, os resultados não foram identificados corretamente, provavelmente porque a biblioteca disponível no MALDI-TOF (Bruker) não inclui espectros da maioria dessas espécies, resultando em uma precisão inferior. Este trabalho demonstra a eficácia da espectrometria de massas (MALDI-TOF), evidenciando a importância de desenvolver e utilizar técnicas avançadas e acuradas para a identificação de microrganismos patogênicos. A implementação dessas metodologias no monitoramento e diagnóstico pode melhorar significativamente a detecção e controle de surtos, contribuindo para a prevenção de doenças e a promoção da saúde pública no Brasil.

Palavras-chave. *Aeromonas*, Sequenciamento de Nucleotídeos em Larga Escala, Espectrometria de Massas por Ionização e Dessorção a Laser Assistida por Matriz.

Comitê de Ética: Não declarado pelos autores.