



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

e40582

• Biologia Médica

Caracterização genômica de cepas de *Escherichia albertii* isoladas de infecções humanas no Brasil

Daiany Ribeiro Paz de Lira¹, Tania Sueli de Andrade², Rodrigo Tavanelli Hernandez¹, Mário Ferreira de Medeiros Filho², Nicolas Vieira Guerra Castilho², Érica de Lima Ori³, Sandra Regina Schicariol Pinheiro³, Luís Fernando dos Santos^{3*} 

1 Departamento de Microbiologia e Imunologia, Instituto de Biociências, Universidade Estadual Paulista, Botucatu, SP, Brasil.

2 Núcleo de Coleção de Microrganismos, Centro de Procedimentos Interdisciplinares, Instituto Adolfo Lutz, São Paulo, SP, Brasil.

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

*Autor de correspondência: luis.santos@ial.sp.gov.br

Coordenadora da Comissão Científica: Adriana Pardini Vicentini

Escherichia albertii, recentemente alocada no gênero *Escherichia* como uma nova espécie bacteriana, é responsável por causar em humanos quadros de diarreia aguda e septicemia. Embora existam relatos de surtos por *E. albertii* em alguns países do oriente, as infecções humanas têm um caráter predominantemente esporádico. No Brasil, graças à vigilância laboratorial das doenças de transmissão hídrica e alimentar realizada pelo Instituto Adolfo Lutz (IAL), casos esporádicos de gastroenterite por *E. albertii* já foram registrados em estados como São Paulo e Santa Catarina. Um dos principais desafios na detecção laboratorial de cepas de *E. albertii* reside no fato que estas bactérias são fenotipicamente quase indistinguíveis das *Escherichia coli*. Em função disso, a importância clínica e epidemiológica das *E. albertii* é grandemente subestimada. Abordagens genômicas tem se mostrado a única alternativa satisfatória na caracterização de cepas de *E. albertii*. Neste estudo, 14 cepas de *E. albertii*, provenientes do Centro de Bacteriologia do IAL, foram submetidas ao sequenciamento de genoma total pelo Laboratório Estratégico (LEIAL), com o intuito de serem caracterizadas quanto ao seu *background* de marcadores de virulência e diversidade clonal. Através de análises de bioinformática empregando a plataforma Galaxy Austrália e a ferramenta Ipcress, foram investigados os sorogrupos, *sequence types* (ST) e a presença de genes de virulência. Foram encontrados cinco sorogrupos distintos dentre as cepas analisadas, sendo os mais comuns EAOg5 e EAOg7. Duas cepas foram pertencentes ao ST1996 e as demais apresentaram ST diversos. O gene de virulência mais prevalente foi *cdt-S*, associado a produção da toxina citoletal distensora. Entretanto, em um dos isolados a presença do gene *stx2f* associado a produção da toxina de Shiga foi evidenciada. Distintos perfis antigênicos e de virulência foram observados neste estudo. Este é o primeiro relato de cepas de *E. albertii* portadoras de genes associados às toxinas de Shiga no Brasil.

Palavras-chave. Diarreia, *Escherichia*, Vigilância.

Comitê de Ética: Não declarado pelos autores.