

CARACTERIZAÇÃO DE SOROTIPOS DE *Vibrio parahaemolyticus* EM AMOSTRAS HUMANAS, ANIMAIS E AMBIENTAIS

JÚLIA CARDOSO PEREIRA¹, EMILY MORAES ROGES², CAROLINA CERQUEIRA RODRIGUES¹, LAURA MARIA ANDRADE DE OLIVEIRA², PATRÍCIA DE CARVALHO SEQUEIRA², DÁLIA DOS PRAZERES RODRIGUES², MARIA HELENA COSENDEY DE AQUINO¹

¹. UNIVERSIDADE FEDERAL FLUMINENSE, PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM HIGIENE VETERINÁRIA E PROCESSAMENTO TECNOLÓGICO DE PRODUTOS DE ORIGEM ANIMAL, NITERÓI/ RIO DE JANEIRO, BRASIL

². FUNDAÇÃO OSWALDO CRUZ, INSTITUTO OSWALDO CRUZ, RIO DE JANEIRO/ RIO DE JANEIRO, BRASIL

Vibrio parahaemolyticus é uma bactéria Gram-negativa naturalmente presente em ambientes marinhos e estuarinos, considerada o principal agente bacteriano associado a doenças de origem alimentar relacionadas ao consumo de pescado. A classificação de *V. parahaemolyticus* é tradicionalmente realizada pela identificação dos antígenos somáticos (O) e capsulares (K) presentes na superfície bacteriana e de suas combinações. Até o momento, 13 sorotipos O e 71 sorotipos K foram reconhecidos. A sorotipificação tem sido amplamente utilizada em pesquisas epidemiológicas e na identificação de cepas associadas à patogenicidade ao longo de várias décadas. O objetivo deste estudo foi determinar os sorotipos de cepas de *V. parahaemolyticus* isoladas no Brasil entre 2016 e 2026. Trinta e quatro isolados de *V. parahaemolyticus*, incluindo 25 de origem animal (peixes, bivalves, aves marinhas e cetáceos), 8 de origem ambiental marinha (água e sedimento) e 1 de origem humana (sangue) foram selecionados. As culturas estocadas em ágar nutriente tamponado foram reativadas em água peptonada alcalina com 3% de NaCl e cultivadas em ágar tiosulfato citrato bile sacarose com 3% de NaCl. A espécie dos isolados foi confirmada por testes bioquímicos realizados por método manual (descarboxilação de lisina e ornitina, dehidrolação de arginina, tolerância ao NaCl a 0, 3, 6, 8 e 10%, produção de gás a partir de glicose, fermentação de lactose, arabinose, manitol e sacarose, hidrólise da esculina e teste ONPG). A sorotipificação foi realizada pelo método de aglutinação em lâmina, conforme descrito no Bacteriological Analytical Manual (FDA-BAM), utilizando um kit comercial de antissoros para *V. parahaemolyticus*, com base na combinação dos sorogrupos O e K. Na ausência de aglutinação com os soros disponíveis, os antígenos O e K foram classificados como desconhecidos (OUT e KUT). Foram identificados 21 sorotipos de *V. parahaemolyticus* incluindo os tipos O1 (17,65%), O3 (11,76%), O4 (8,82%), O5 (23,53%), O8 (2,94%), O10 (14,71%) e O11 (2,94%). Os sorotipos O1:KUT, O5:KUT e O10:KUT (n=4 cada) foram os mais frequentes, seguidos por OUT:KUT (n=3), OUT:K48 (n=2) e O5:K17 (n=2), enquanto 15 isolados apresentaram sorotipos únicos (O3:K5, O10:K52, O1:K64, O3:K57, O3:K30, O5:K5, O5:K30, O4:K42, O3:KUT, O8:KUT, O1:K25, O4:K63, O11:KUT, OUT:K3 e O4:K53). O sorotipo O5:K17 foi compartilhado entre isolados de origem humana e animal. Entre os 34 isolados, 18 (52,94%) não puderam ser tipificados quanto ao antígeno K (KUT) e 6 (17,65%) quanto ao antígeno O (OUT). Vinte e três isolados apresentaram sorotipos previamente associados a cepas pandêmicas (O1:KUT, O1:K25, O5:K17, O3:KUT, O3:K5, O10:KUT, O5:KUT, O3:K30, O4:K42, O11:KUT e OUT:KUT). A ampla diversidade de sorotipos observada corrobora relatos prévios que demonstram elevada diversidade sorológica entre cepas de origem não

humana. Essa elevada variação pode ser atribuída aos frequentes eventos de recombinação no microrganismo, possivelmente como mecanismo adaptativo às mudanças ambientais e às respostas de defesa do hospedeiro. Contudo, isolados de *V. parahaemolyticus* com antígenos O ou K não tipificáveis, ou novos sorotipos, têm sido frequentemente relatados, principalmente devido à diversidade antigênica não contemplada pelos antissoros atualmente disponíveis. Os resultados do trabalho ampliam o conhecimento sobre a diversidade de *V. parahaemolyticus* no país, fornecendo subsídios para estudos epidemiológicos e de monitoramento.

Agradecimentos: Este trabalho contou com o apoio do Laboratório de Enterobactérias (LABENT), do Instituto Oswaldo Cruz (IOC/Fiocruz), da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro (FAPERJ) e da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES).