

Caracterização fenotípica e genotípica de cepas de *Escherichia coli* enteroagregativas isoladas de hemocultura

VICTÓRIA BEATRIZ CAMILO¹, HENRIQUE ORSI², ALESSANDRO L. MONDELLI³, ADRIANO M. FERREIRA³, CECILIA M. ABE¹, RODRIGO T. HERNANDES², WALDIR PEREIRA ELIAS¹

¹. INSTITUTO BUTANTAN, LABORATÓRIO DE BACTERIOLOGIA, SÃO PAULO/ SÃO PAULO, BRASIL

². UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA JULIO DE MESQUITA FILHO , INSTITUTO DE BIOCÊNCIAS, BOTUCATU / SÃO PAULO, BRASIL

³. UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA JULIO DE MESQUITA FILHO , FACULDADE DE MEDICINA DE BOTUCATU, BOTUCATU / S ÃO PAULO, BRASIL

A *Escherichia coli* é uma bactéria Gram negativa que, quando patogênica, pode ser classificada em dois grandes grupos: as diarreiogênicas (DEC), associadas a infecções do trato gastrointestinal, e as extraintestinais (ExPEC), isoladas de sítios fora do intestino do hospedeiro. A *E. coli* enteroagregativa (EAEC) é tradicionalmente classificada como DEC, sendo agente frequente de diarreia, especialmente em crianças, indivíduos imunocomprometidos e em casos de diarreia do viajante. Esse patotipo é caracterizado pela produção do padrão de adesão agregativo (AA) em células HEp-2 ou HeLa e pela presença de fatores de virulência específicos, como as fímbrias AAF e toxinas Pet e EAST-1. Todavia, estudos recentes identificaram cepas de EAEC em sítios extraintestinais, causando infecções do trato urinário (ITU) e da corrente sanguínea (ICS), sendo denominadas cepas híbridas por combinarem características de DEC e ExPEC. No entanto, o papel dos fatores de virulência de EAEC em infecções extraintestinais e a prevalência dessas cepas, especialmente em ICS, ainda permanecem pouco elucidados. O objetivo deste estudo foi realizar a caracterização fenotípica e genotípica de cepas de EAEC isoladas de infecções de corrente sanguínea. Foram analisadas 490 amostras de *E. coli* isoladas de ICS entre 2015 e 2024. A confirmação da espécie foi realizada por espectrometria de massa (MALDI-TOF MS) e a identificação de EAEC por PCR, detectando os genes *aggR*, *aatA*, *afpR* e *aaiC*. As cepas positivas foram submetidas ao teste de adesão em células HEp-2 e ao teste de sensibilidade a antimicrobianos por disco-difusão. Das 490 amostras analisadas, 13 (2,65%) foram identificadas como EAEC, apresentando diferentes perfis genotípicos. No ensaio de adesão, 10/13 (76,9%) exibiram o padrão AA clássico, enquanto 3/13 (23,1%), que possuíam apenas o gene *aaiC*, aderiram de forma indefinida. A análise do perfil de resistência revelou elevada taxa de resistência a antimicrobianos, com 4/13 amostras (30,7%) multirresistentes (MDR). As maiores taxas de resistência foram observadas para sulfametoxazol-trimetoprima (61,5%), ampicilina (46,1%) e estreptomicina (46,1%). Esses resultados indicam que a presença de EAEC na corrente sanguínea representa um problema emergente, reforçando a heterogeneidade das cepas de *E. coli* e o potencial clínico das linhagens híbridas. A significativa frequência de multirresistência observada ressalta a relevância clínica dessas cepas, uma vez que combina fatores de virulência de DEC com características típicas de ExPEC, limitando as opções terapêuticas.



SIMC 2026
9º Simpósio Internacional
de Microbiologia Clínica

Agradecimentos: O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Processo 88887.132884/2025-00.