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

VICTÓRIA BEATRIZ CAMILO[1], HENRIQUE ORSI[2], ALESSANDRO L. MONDELLI[3], ADRIANO M. FERREIRA[3], CECILIA M. ABE[1], RODRIGO T. HERNANDES[2], WALDIR PEREIRA ELIAS [1]

[1.] INSTITUTO BUTANTAN, LABORATÓRIO DE BACTERIOLOGIA, SÃO PAULO/ SÃO PAULO, BRASIL
[2.] UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA JULIO DE MESQUITA FILHO , INSTITUTO DE BIOCIÊNCIAS, 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.

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