

Diversidade genética e distribuição de genes de virulência em isolados de *Aeromonas* spp. de origem humana, animal e ambiental

THAIS VIEIRA¹, GISELE LOZANO COSTA¹, LUISA ZANOLLI MORENO², ANDREA MICKE MORENO³, MARTA INES CAZENTINI MEDEIROS¹, CHRISTIANE ASTURIANO RISTORI COSTA¹, CINTIA MAYUMI AHAGON⁴, MIKAELA RENATA FUNADA BARBOSA⁴, MARIA INES ZANOLI SATO⁴, KAROLINE RODRIGUES CAMPOS¹, CLAUDIO TAVARES SACCHI¹, CARLOS HENRIQUE CAMARGO¹, MONIQUE RIBEIRO TIBA-CASAS¹

¹. INSTITUTO ADOLFO LUTZ, SÃO PAULO/SP, BRASIL

². UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA JÚLIO DE MESQUITA FILHO, FCAV, JABOTICABAL/SP, BRASIL

³. UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO, FACULDADE DE MEDICINA VETERINÁRIA E ZOOTECNIA DA UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO, SÃO PAULO/SP, BRASIL

⁴. COMPANHIA ESTADUAL DE TECNOLOGIA DE SANEAMENTO BÁSICO E DE CONTROLE DA POLUIÇÃO DAS ÁGUAS, SÃO PAULO/SP, BRASIL

Espécies do gênero *Aeromonas* são amplamente distribuídas em ambientes aquáticos e associadas a infecções em humanos e animais, incluindo gastroenterites, infecções de feridas e quadros sistêmicos. A diversidade genética e a presença de fatores de virulência reforçam a importância da caracterização molecular desses microrganismos. Este estudo teve como objetivo avaliar a distribuição de genes de virulência e a diversidade genética de isolados de *Aeromonas* spp. provenientes de amostras humanas, animais e ambientais. Foram analisados 90 isolados obtidos entre 2008 e 2023, provenientes de amostras humanas (n=51), animais (n=31) e ambientais (n=8). A identificação das espécies foi confirmada por sequenciamento de genoma completo e análise de identidade nucleotídica média (ANI), com valores superiores a 96% em relação às cepas de referência. Foram pesquisados 13 genes de virulência por métodos moleculares: *act*, *aerA*, *alt*, *ast*, *hlyA*, *ahh1*, *asa1*, *lip*, *gcat*, *ela*, *serP*, *fla* e *eno*. A diversidade genética foi avaliada por eletroforese em campo pulsado (PFGE) para *A. hydrophila*, *A. caviae* e *A. veronii*. Os isolados foram identificados como *A. hydrophila* (34), *A. caviae* (23), *A. veronii* (16), *A. dhakensis* (7), *A. jandaei* (4), *A. rivipollensis* (3), *A. media* (2) e *A. allosaccharophila* (1). Os genes *eno* e *fla* apresentaram as maiores frequências, sendo detectados em 100% e 99% dos isolados, respectivamente. Entre os genes relacionados a enzimas extracelulares, *ela* foi identificado em 84%, *lip* em 77%, *serP* em 67% e *gcat* em 62% dos isolados. Os genes de toxinas *act* e *aerA* foram detectados em 50% das amostras, enquanto *hlyA* e *ahh1* apresentaram frequências de 47% e 46%, respectivamente. O gene *asa1* apresentou menor frequência (22%). Diferenças nos perfis de virulência foram observadas entre as espécies e origens dos isolados. *A. hydrophila* e *A. dhakensis* apresentaram elevada frequência de genes relacionados à produção de toxinas e hemolisinas, enquanto em *A. veronii* os genes *act*, *aerA* e *asa1* foram detectados em todos os isolados. Já *A. caviae*, apesar da menor frequência de genes associados a toxinas, destacou-se como a espécie predominante entre os isolados gastrointestinais humanos. A análise por PFGE revelou elevada diversidade genética, com 27 perfis distintos em *A. hydrophila* e 22 em *A. caviae*. Também foram identificados isolados com 100% de similaridade genética associados à mesma origem ou vínculo epidemiológico. Entre eles, destacaram-se clones de *A. hydrophila* isolados de peixes e a relação genética

entre isolados humanos e amostras provenientes de biodigestor. Os resultados demonstraram ampla heterogeneidade genética entre os isolados e diferenças importantes na distribuição dos genes de virulência, reforçando o potencial patogênico e a relevância epidemiológica de *Aeromonas* spp., além da importância da caracterização molecular para compreensão da disseminação clonal dessas bactérias.

Agradecimentos: