

MECANISMOS DE VIRULÊNCIA DO GÊNERO *Acinetobacter* spp.: UMA REVISÃO SISTEMÁTICA DA LITERATURA

Ana Júlia Melo de Vasconcelos Arruda¹;

¹Instituto de Ciências Biológicas (ICB/UPE), Recife, Pernambuco.

<http://lattes.cnpq.br/5406648571330642>

Rayane Maria Castro da Silva²;

²Programa de Pós-graduação em Biologia Aplicada à Saúde (iLIKA/UFPE), Recife, Pernambuco.

<http://lattes.cnpq.br/3707039654204066>

Ariane Pereira Da Costa³;

³Programa de Pós-graduação em Biologia Aplicada à Saúde (iLIKA/UFPE), Cidade, Estado.

<http://lattes.cnpq.br/2335435910706716>

Janderson Weydson Lopes Menezes da Silva⁴;

⁴Laboratório de Biologia Celular e Molecular do Instituto Aggeu Magalhães (LBCM - IAM/ FIOCRUZ), Recife, Pernambuco.

<http://lattes.cnpq.br/1939325935708228>

Antônio Maurício Alves Neto⁵;

⁵Universidade Federal de Pernambuco (UFPE), Recife, Pernambuco.

<https://lattes.cnpq.br/8856809880695040>

Maysa Lohanna Barbosa Santos⁶;

⁶Programa de Pós-graduação em Biologia Aplicada à Saúde (iLIKA/UFPE), Cidade, Estado.

<http://lattes.cnpq.br/5562815448511137>

Lucas Gabriel Bento De Souza Aleixo Correia⁷;

⁷Centro Universitário São Miguel (UNISM), Recife, Pernambuco.

<http://lattes.cnpq.br/6417936710899673>

Brenda Rocha Lima⁸;

⁸Centro Universitário Maurício de Nassau (UNINASSAU), Recife, Pernambuco.

<http://lattes.cnpq.br/7578031018270111>

Igor Soares Gouveia⁹;

⁹Instituto Keiso Asami (iLIKA), Recife, Pernambuco.

<https://lattes.cnpq.br/8150604312901033>

Dyana Leal Veras¹⁰;

¹⁰Laboratório de Biologia Celular e Molecular do Instituto Aggeu Magalhães (LBCM - IAM/ FIOCRUZ), Recife, Pernambuco.

<http://lattes.cnpq.br/7193283471119466>

Fábio André Brayner dos Santos¹¹;

¹¹Laboratório de Biologia Celular e Molecular do Instituto Aggeu Magalhães (LBCM - IAM/ FIOCRUZ), Recife, Pernambuco.

<http://lattes.cnpq.br/7464633588638483>

Luiz Carlos Alves¹².

¹²Laboratório de Biologia Celular e Molecular do Instituto Aggeu Magalhães (LBCM - IAM/FIOCRUZ), Recife, Pernambuco.

<http://lattes.cnpq.br/4951638470777523>

RESUMO: O gênero *Acinetobacter* spp. destaca-se por integrar importantes patógenos associados à IRAS, devido à elevada capacidade de adaptação ambiental, resistência antimicrobiana e diversidade de mecanismos de virulência. Este trabalho objetivou analisar os principais fatores de virulência, evidenciando mecanismos moleculares, persistência e disseminação em isolados do gênero *Acinetobacter* spp. Trata-se de uma revisão sistemática conforme recomendações do PRISMA, com coleta nas bases de dados PubMed, SpringerLink e LILACS-BVS em junho de 2026, utilizando descritores consultados no DeCS/MeSH: “*Acinetobacter*” e “Virulence Factors”, combinados pelo operador booleano “AND”. Foram incluídos estudos experimentais publicados nos últimos cinco anos, em inglês e com acesso gratuito ao texto completo, resultando em 16 artigos. Os resultados demonstraram que os principais mecanismos de virulência incluem formação de biofilme, proteínas de membrana externa, sistemas de secreção, vesículas de membrana externa, cápsula bacteriana, regulação genética e adaptação metabólica, os quais demonstram papéis essenciais na adesão, colonização e evasão imune. Conclui-se que a virulência de *Acinetobacter* spp. é multifatorial e integrada, sendo fundamental para seu sucesso epidemiológico e para a dificuldade de controle das infecções. A compreensão desses mecanismos torna-se essencial para o desenvolvimento de abordagens diagnósticas e terapêuticas mais eficazes, capazes de enfrentar a ameaça representada por esse gênero.

PALAVRAS-CHAVE: Infecções Relacionadas à Assistência à Saúde. Fatores de virulência. Resistência bacteriana.

VIRULENCE MECHANISMS OF THE GENUS *Acinetobacter*: A SYSTEMATIC REVIEW OF THE LITERATURE

ABSTRACT: The genus *Acinetobacter* spp. stands out as an important group of pathogens associated with Healthcare-Associated Infections (HAIs) due to its high capacity for environmental adaptation, antimicrobial resistance, and diverse virulence mechanisms. This study aimed to analyze the main virulence factors, highlighting molecular mechanisms, persistence, and dissemination in isolates of *Acinetobacter* spp. This systematic review followed PRISMA recommendations, with data collection conducted in June 2026 using the databases *PubMed*, *SpringerLink*, and *LILACS-BVS*. The descriptors retrieved from DeCS/MeSH were “*Acinetobacter*” and “Virulence Factors”, combined with the Boolean operator “AND”. Experimental studies published within the last five years, written in English, and with free full-text access were included, resulting in 16 selected articles. Results showed that the

main virulence mechanisms include biofilm formation, outer membrane proteins, secretion systems, outer membrane vesicles, bacterial capsule, genetic regulation, and metabolic adaptation, which play essential roles in adhesion, colonization, and immune evasion. Understanding these mechanisms is essential for developing more effective diagnostic and therapeutic strategies against infections caused by this genus.

KEYWORDS: Healthcare-Associated Infections. Virulence Factors. Bacterial Resistance.

INTRODUÇÃO

O gênero *Acinetobacter* spp. compreende um grupo de bactérias gram-negativas, não fermentadoras e amplamente distribuídas em ambientes naturais e hospitalares, destacando-se pela elevada capacidade de adaptação a diferentes condições ambientais (Yehya et al., 2025). Embora diversas espécies sejam encontradas naturalmente no solo, na água e em outros ambientes, algumas apresentam grande importância médica por estarem associadas às Infecções Relacionadas à Assistência à Saúde (IRAS), especialmente em pacientes hospitalizados, imunocomprometidos ou submetidos a procedimentos invasivos (Brady; Jamal; Pervin, 2025).

Entre as espécies pertencentes ao gênero, *Acinetobacter baumannii* destaca-se como um dos principais patógenos relacionados às IRAS, sendo responsável por infecções graves, como pneumonia associada à ventilação mecânica, bacteremia, infecções do trato urinário, meningite e infecções de feridas cirúrgicas, especialmente em pacientes internados em unidades de terapia intensiva. Durante a pandemia de COVID-19, essa espécie também figurou entre os microrganismos mais frequentemente identificados em infecções secundárias e coinfeções bacterianas, evidenciando sua importância clínica e epidemiológica em ambientes hospitalares (Brady; Jamal; Pervin, 2025; Lucidi et al., 2024; Yehya et al., 2025).

Além disso, a disseminação de cepas multidroga-resistentes (MDR) tem representado um importante desafio para a saúde pública, devido à redução das opções terapêuticas disponíveis e ao aumento das taxas de morbidade, mortalidade e custos relacionados à assistência hospitalar (Lucidi et al., 2024; Yehya et al., 2025).

A relação do gênero *Acinetobacter* spp. à crescente incidência de IRAS não está relacionada apenas à resistência aos antimicrobianos, mas também à presença de diversos fatores de virulência que favorecem sua adaptação, persistência e capacidade de causar infecções. Esses mecanismos permitem a sobrevivência em superfícies bióticas e abióticas, a colonização eficiente do hospedeiro e a evasão das defesas imunológicas, contribuindo para a manutenção e disseminação do patógeno em ambientes clínicos (Lucidi et al., 2024). Dentre os mecanismos de virulência destacam-se a formação de biofilmes, a expressão de adesinas e pili, os sistemas de aquisição de ferro, as proteínas de membrana externa e os sistemas regulatórios envolvidos na interação bactéria-hospedeiro. (Lucidi et al., 2024; Gautam et al., 2023; Aki et al., 2025; Zehra et al., 2025).

A formação de biofilmes representa um importante fator de persistência, pois

favorece a adesão a dispositivos médicos e superfícies hospitalares, além de aumentar a tolerância aos antimicrobianos e às respostas imunológicas do hospedeiro. De forma semelhante, proteínas de adesão e sistemas de captação de nutrientes desempenham papel fundamental na colonização, sobrevivência e progressão da infecção (Oh et al., 2025).

Diante da relevância clínica das infecções causadas por espécies do gênero *Acinetobacter* spp. e da complexidade dos mecanismos envolvidos em sua virulência, torna-se fundamental ampliar o conhecimento sobre os fatores que contribuem para sua adaptação, persistência e capacidade infecciosa. Desse modo, a reunião e a análise crítica das evidências científicas disponíveis são essenciais para consolidar o conhecimento acerca desses determinantes, identificar lacunas na literatura e fornecer embasamento para futuras investigações voltadas à compreensão da interação entre o patógeno e o hospedeiro (Lucidi et al., 2024; Yehya et al., 2025).

OBJETIVO

Analisar os principais mecanismos de virulência descritos no gênero *Acinetobacter* spp., destacando os fatores moleculares e celulares que contribuem para sua patogenicidade, adaptação e persistência em diferentes ambientes.

METODOLOGIA

A pesquisa caracteriza-se como uma revisão sistemática da literatura, de natureza básica, com abordagem qualitativa e delineamento exploratório-descritivo. O estudo foi conduzido em junho de 2026, segundo as diretrizes do *Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses* (PRISMA). A organização do material bibliográfico, o gerenciamento das citações e o processo de exclusão de registros duplicados foram realizados com auxílio do gerenciador bibliográfico Mendeley.

A estratégia de busca foi realizada nas bases de dados PubMed, SpringerLink e LILACS-BVS, utilizando descritores em inglês previamente consultados nos Descritores em Ciências da Saúde (DeCS) e no Medical Subject Headings (MeSH), sendo eles: “*Acinetobacter*” e “Virulence Factors”, combinados por meio do operador booleano “AND”.

Foram estabelecidos como critérios de inclusão artigos originais e experimentais publicados nos últimos cinco anos, em inglês e português e com acesso ao texto completo de forma gratuita. Com relação aos critérios de exclusão foram descartadas revisões de literatura e publicações com informações insuficientes para análise ou fora da temática proposta (Figura 1). Artigos duplicados em diferentes bases de dados foram considerados em apenas umas delas.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

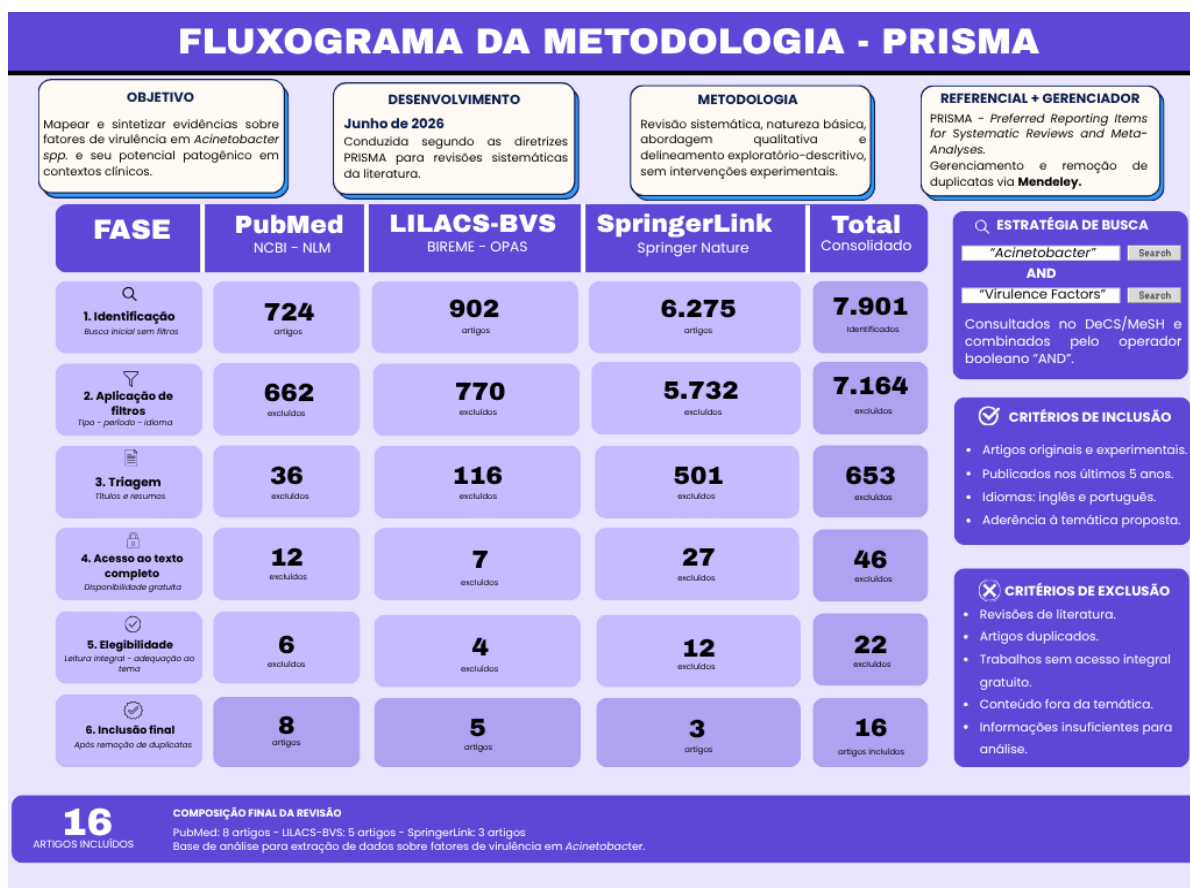
Inicialmente foram identificados 724 artigos no PubMed, 6.275 no SpringerLink e 902 no LILACS-BVS. Após a aplicação dos critérios de inclusão foram excluídos 662 no PubMed, 5.732 no SpringerLink e 770 no LILACS-BVS. Em seguida, a etapa de triagem foi

realizada por meio da leitura de títulos e resumos, sendo removidos 36 artigos do PubMed, 501 do SpringerLink e 116 do LILACS-BVS. Posteriormente, verificou-se a disponibilidade do acesso gratuito ao texto completo, o que resultou na exclusão de 12 artigos do PubMed, 27 do SpringerLink e 7 do LILACS-BVS.

Na fase final de elegibilidade, os artigos foram analisados integralmente para confirmação da adequação ao tema proposto, levando à exclusão de 6 artigos do PubMed, 12 do SpringerLink e 4 do LILACS-BVS. As duplicatas também foram consideradas em apenas uma base de dados. Ao final, foram incluídos 16 artigos no total, sendo 8 provenientes do PubMed, 3 do SpringerLink e 5 do LILACS-BVS, os quais compuseram a base de análise desta revisão (Figura 1).

Por fim, as porcentagens apresentadas foram obtidas a partir do total de estudos incluídos (n=16), considerando a frequência de cada variável analisada em relação ao conjunto final de artigos selecionados.

Figura 1: Representação em fluxograma da metodologia.



Fonte: Autores, 2026.

Diante a análise dos artigos incluídos neste estudo, diferentes fatores de virulência foram identificados, conforme se segue:

1. Proteínas de membrana externa e fatores estruturais: foram identificadas em 43,8% (n=7) dos estudos, sendo fundamentais para adesão às células do hospedeiro,

colonização de superfícies, aquisição de nutrientes e interação direta com mecanismos de defesa imunológica, favorecendo o estabelecimento e a progressão da infecção. Tan e Cao (2023) demonstraram que a proteína OmpA é capaz de induzir autofagia em células dendríticas por meio da via PI3K/mTOR, evidenciando sua participação na modulação da resposta imune do hospedeiro. Gil-Marqués et al. (2022) identificaram a proteína OmpW como importante fator de virulência expresso em condições de hipóxia, sugerindo sua relevância na adaptação bacteriana a microambientes desfavoráveis. Hua et al. (2021) observaram que proteínas da família OprD/Occ estão associadas a fenótipos de hipervirulência em cepas resistentes a carbapenêmicos, enquanto Aki et al. (2025) demonstraram que a pilina A participa da formação de pili e da adesão bacteriana, processos essenciais para colonização inicial e persistência no hospedeiro (Quadro 1). Em conjunto, esses achados evidenciam que as estruturas localizadas na superfície celular exercem papel central no estabelecimento da infecção, atuando diretamente na interação com o hospedeiro e favorecendo processos essenciais como adesão, colonização e manutenção da virulência bacteriana.

2. Regulação genética e adaptação metabólica: foram identificados em 31,3% (n=5) dos estudos, evidenciando sua relevância na capacidade de *Acinetobacter spp.* sobreviver em ambientes hostis e modular a expressão de fatores diretamente associados à patogenicidade. Guo et al. (2022) demonstraram que o fator de alongação P atua como efetor da sinalização por c-di-GMP, regulando processos fisiológicos essenciais relacionados à virulência bacteriana. Devnath et al. (2025) verificaram que o metabolismo da arginina é indispensável para o desenvolvimento de pneumonia, sendo controlado pelo regulador GacA. Lv et al. (2022) observaram que a enzima polifosfato quinase desempenha papel importante na persistência bacteriana e adaptação ao estresse (Quadro 1). De modo geral, esses achados demonstram que a elevada plasticidade metabólica do gênero constitui um importante determinante de colonização, persistência e sucesso infeccioso, contribuindo diretamente para sua elevada capacidade adaptativa em ambientes clínicos.
3. Formação de biofilme: foi o mecanismo de virulência mais frequentemente identificado, presente em 50,0% (n=8) dos estudos analisados, destacando-se como um dos principais fatores associados à persistência clínica do gênero *Acinetobacter spp.* Zehra et al. (2025) demonstraram associação significativa entre capacidade de formação de biofilme, resistência antimicrobiana e diversidade genética em isolados clínicos. Moreno-Manjón et al. (2023) observaram intensa formação de biofilmes em clones hospitalares de alto risco. Benomar et al. (2021) evidenciaram que a proteína H-NS regula a composição da matriz extracelular, interferindo diretamente na arquitetura e estabilidade do biofilme. Gautam et al. (2023) também associaram esse mecanismo ao aumento da virulência e do perfil MDR dos isolados. Esses resultados reforçam que a formação de biofilme representa um importante fator de virulência, pois além de favorecer a adesão e colonização em diferentes superfícies, protege a comunidade

microbiana contra respostas imunes e contribui para o estabelecimento de infecções persistentes, tornando o processo infeccioso mais complexo.

4. Vesículas de membrana externa e sistemas de secreção: estiveram presentes em 25,0% (n=4) dos estudos. Suzuki et al. (2023) (6,3%; n=1) demonstraram que as vesículas de membrana externa (OMVs) apresentam variações estruturais sob condições de hipóxia e normóxia, influenciando diretamente a expressão de proteínas relacionadas à patogenicidade. Lin et al. (2023) (6,3%; n=1) observaram que o sistema de secreção tipo VI está associado à maior gravidade clínica e pior prognóstico em infecções da corrente sanguínea. Desse modo, os achados demonstram que tais mecanismos desempenham papel estratégico no processo infeccioso, uma vez que permitem a liberação direcionada de moléculas capazes de modular a resposta do hospedeiro, intensificar danos celulares e ampliar a capacidade competitiva da bactéria frente a outros microrganismos.
5. Cápsula bacteriana e persistência: foi evidenciada em 18,8% (n=3) dos artigos analisados. Whiteway et al. (2022) demonstraram que a restauração da produção capsular em *Acinetobacter baumannii* resultou em aumento significativo da virulência. Lv et al. (2022) verificaram que a enzima polifosfato quinase exerce papel essencial na persistência bacteriana, favorecendo a adaptação a condições de estresse e manutenção da infecção. Wang et al. (2024) associaram o surgimento de cepas hipervirulentas a quadros graves de pneumonia adquirida na comunidade, reforçando a relação entre mecanismos de persistência e agravamento clínico. Esses achados demonstram que, embora menos frequentemente abordados, fatores estruturais e mecanismos associados à persistência representam estratégias importantes para manutenção da infecção, ampliação da sobrevivência no hospedeiro e aumento do sucesso patogênico do gênero *Acinetobacter spp.*
6. Biomarcadores e relevância clínica: foi abordada em 12,5% (n=2) dos estudos analisados, evidenciando o crescente interesse em compreender como esses fatores podem auxiliar na avaliação diagnóstica, prognóstica e no monitoramento de infecções causadas pelo gênero *Acinetobacter spp.* Depka et al. (2023) identificaram elevada prevalência de genes de virulência em cepas clínicas resistentes a carbapenêmicos, sugerindo que esses determinantes moleculares podem atuar como potenciais biomarcadores para identificação de isolados com maior potencial patogênico. Esses resultados evidenciam que a análise dos fatores de virulência vai além da compreensão da patogênese bacteriana, permitindo relacionar perfis genéticos a maior capacidade infecciosa e gravidade clínica. Nesse sentido, a caracterização desses mecanismos representa uma ferramenta importante para vigilância epidemiológica, identificação de cepas mais agressivas e desenvolvimento de estratégias diagnósticas e terapêuticas mais direcionadas.

A análise metodológica demonstrou predominância de estudos experimentais

laboratoriais, uma vez que 100% (n=16) dos trabalhos incluídos investigaram mecanismos de virulência em condições controladas. Desses, 87,5% (n=14) utilizaram exclusivamente ensaios *in vitro*, enquanto apenas 12,5% (n=2) incorporaram modelos *in vivo*, como observado em Xu et al. (2022) e Devnath et al. (2025). Além disso, verificou-se que 100% (n=16) dos estudos apresentaram heterogeneidade metodológica quanto aos genes avaliados, condições experimentais e modelos utilizados, dificultando comparações diretas entre os resultados.

Dessa forma, futuras investigações devem ampliar estudos pré-clínicos e clínicos, bem como o estabelecimento de protocolos metodológicos padronizados, permitindo compreender de forma mais consistente o impacto desses mecanismos na patogênese e no comportamento clínico do gênero *Acinetobacter spp.*

Quadro 1: Caracterização dos estudos incluídos na revisão (n=16).

Mecanismo de virulência	Autores (ano)	Resultados
Formação de biofilme	Zehra et al. (2025); Moreno-Manjón et al. (2023); Gautam et al. (2023); Benomar et al. (2021).	Associado à persistência, resistência e colonização de superfícies.
Proteínas de membrana externa	Tan & Cao (2023); Gil-Marqués et al. (2022); Hua et al. (2021); Aki et al. (2025).	Relacionadas à adesão, evasão imune e adaptação ambiental.
Regulação genética e adaptação metabólica	Guo et al. (2022); Devnath et al. (2025); Lv et al. (2022).	Associadas à persistência e resposta ao estresse.
Sistemas de secreção	Lin et al. (2023).	Ligados à maior gravidade clínica.
Vesículas de membrana externa (OMVs)	Suzuki et al. (2023)	Modulam interação com o hospedeiro.
Cápsula bacteriana	Whiteway et al. (2022); Wang et al. (2024).	Associada à maior virulência e evasão imune.
Biomarcadores de virulência	Depka et al. (2023).	Potenciais marcadores de patogenicidade.

Fonte: Autores, 2026.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Conclui-se que o gênero *Acinetobacter spp.*, especialmente *Acinetobacter baumannii*, apresenta um conjunto complexo de mecanismos de virulência que explica sua elevada relevância clínica e sua persistência em ambientes hospitalares. Os achados desta revisão indicam que tais mecanismos atuam de forma integrada, sustentando sua capacidade de adaptação e dificultando o controle das infecções associadas. Evidencia-se a importância de aprofundar o conhecimento sobre esses determinantes biológicos, considerando seu impacto direto na epidemiologia das IRAS e na limitação das opções terapêuticas disponíveis. Assim, reforça-se que a compreensão desses processos é essencial para orientar estratégias mais eficazes de diagnóstico, prevenção e tratamento, diante do cenário crescente de resistência antimicrobiana.

REFERÊNCIAS

- BRADY, M. F.; JAMAL, Z.; PERVIN, N. ***Acinetobacter***. In: **STATPEARLS**. Treasure Island: StatPearls Publishing, 2025.
- LUCIDI, M. et al. **Pathogenicity and virulence of *Acinetobacter baumannii*: factors contributing to fitness in healthcare settings and the infected host**. *Virulence*, v. 15, n. 1, 2024.
- OH, M. H. et al. **AbOmpA in *Acinetobacter baumannii*: exploring virulence mechanisms of outer membrane-integrated and outer membrane vesicle-associated AbOmpA and developing anti-infective agents targeting AbOmpA**. *Journal of Biomedical Science*, v. 32, 2025.
- YEHYA, A. et al. **The intricacies of *Acinetobacter baumannii*: a multifaceted comprehensive review of a multidrug-resistant pathogen and its clinical significance and implications**. *Frontiers in Microbiology*, v. 16, 2025.
- TAN, H.; CAO, L. **Outer membrane protein A of *Acinetobacter baumannii* induces autophagy in bone marrow-derived dendritic cells involving the PI3K/mTOR pathway**. *Immunology & Inflammation Disease*, 2023.
- GUO, Q. et al. **Elongation factor P modulates physiology and virulence of *Acinetobacter baumannii* as a cyclic di-GMP effector**. *Proceedings of the National Academy of Sciences (PNAS)*, 2022.
- GAUTAM, D. et al. ***Acinetobacter baumannii* in suspected bacterial infections: association between multidrug resistance, virulence genes and biofilm production**. *Indian Journal of Medical Research*, 2023.
- HUA, M. et al. **A novel OprD/Occ family outer membrane protein is associated with hypervirulence of carbapenem-resistant *Acinetobacter baumannii* ST2/KL22**. *Virulence*, 2021.
- GIL-MARQUÉS, M. L. et al. **Quantitative iTRAQ-based proteomic analysis of *Acinetobacter baumannii* under hypoxia and normoxia reveals OmpW as a virulence factor**. *Microbiology Spectrum*, 2022.

- WHITEWAY, C. et al. **Scarless excision of an insertion sequence restores capsule production and virulence in *Acinetobacter baumannii*.** *ISME Journal*, 2022.
- LV, H. et al. **Polyphosphate kinase is required for virulence and persistence processes in *Acinetobacter baumannii*.** *Microbiology Spectrum*, 2022.
- SUZUKI, S. et al. **Differential proteomic analysis and pathogenic effects of outer membrane vesicles derived from *Acinetobacter baumannii* under normoxia and hypoxia.** *PLoS One*, 2023.
- BENOMAR, S. et al. **Plasmid-encoded H-NS protein controls extracellular matrix composition in a modern urinary isolate of *Acinetobacter baumannii*.** *Journal of Bacteriology*, 2021.
- AKI, J. et al. **Characterization of *Acinetobacter baumannii* mutant strains producing pilin A and thioredoxin A from a transposon insertion library regarding pili production and virulence-associated properties.** *MicrobiologyOpen*, v. 14, n. 6, e70183, 2025.
- DEVNATH, K.; PATHAK, A.; BAKHT, P.; PATHANIA, R. **Arginine utilization in *Acinetobacter baumannii* is essential for pneumonia pathogenesis and is regulated by the virulence regulator GacA.** *Infection and Immunity*, v. 93, n. 5, e0057224, 2025.
- ZEHRA, M. et al. **Relationship between biofilm formation and antibiotic resistance, virulence determinants and genetic diversity in clinically isolated *Acinetobacter baumannii* strains in Karachi, Pakistan.** *Microbial Pathogenesis*, v. 200, p. 107283, 2025.
- MORENO-MANJÓN, J. et al. **Isolates of *Acinetobacter baumannii* IC2 and IC5 with coexistence of blaOXA-143-like and blaOXA-72 and strong biofilm formation in a Mexican hospital.** *Microorganisms*, v. 11, n. 9, 2023.
- LIN, Y. et al. **Clinical impact of the type VI secretion system on clinical characteristics, virulence, and prognosis of *Acinetobacter baumannii* during bloodstream infection.** *Microbial Pathogenesis*, v. 182, p. 106252, 2023.
- WANG, Q. et al. **Emergence of a novel hypervirulent strain of *Acinetobacter baumannii* and herpes simplex virus type 1 in a case of community-acquired pneumonia in China.** *Journal of Infection and Public Health*, 2024.
- DEPKA, D. et al. **Prevalence of virulence factor genes in clinical carbapenem-non-susceptible *Acinetobacter baumannii* strains and their usefulness as potential molecular biomarkers of infection.** *Diagnostics (Basel)*, v. 13, n. 6, 2023.