

Introdução

A *Escherichia coli* (*E. coli*) é uma bactéria comensal presente no trato intestinal das aves, mas que pode invadir diferentes tecidos e resultar em manifestações sistêmicas (quadro clínico de colibacilose). No entanto, a colibacilose ocorre somente quando a cepa de *E. coli* apresenta fatores de virulência (codificados por genes específicos) que possibilitem a proliferação no hospedeiro. Estudos prévios analisaram a ocorrência destes genes em amostras de *E. coli* isoladas de aves com colibacilose nos Estados Unidos, demonstrando elevada frequência de dez genes principais (*cvaC*, *iron*, *iss*, *iutA*, *sitA*, *tsh*, *fyuA*, *irp2*, *ompT* e *hlyF*). Atualmente, a detecção destes fatores é fundamental para a diferenciação entre isolados comensais (AFEC - *Avian Fecal E. coli*) e patogênicos (APEC - *Avian Pathogenic E. coli*).

Objetivo

O presente estudo teve como objetivo avaliar a ocorrência e frequência dos dez principais fatores de virulência em isolados de *E. coli* de aves de granjas de produção comercial do Brasil.

Materiais e Métodos

Amostras

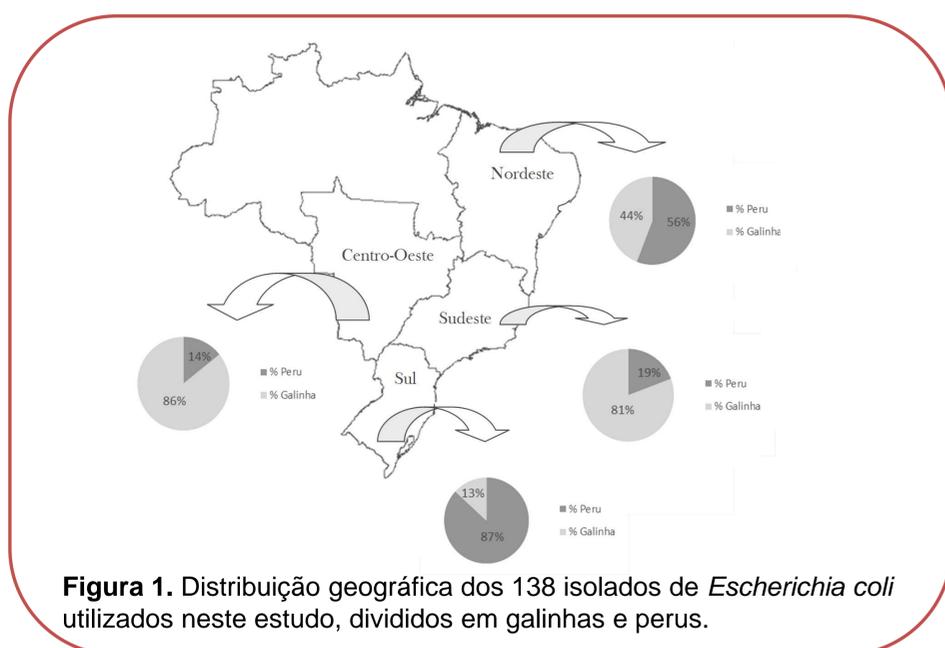
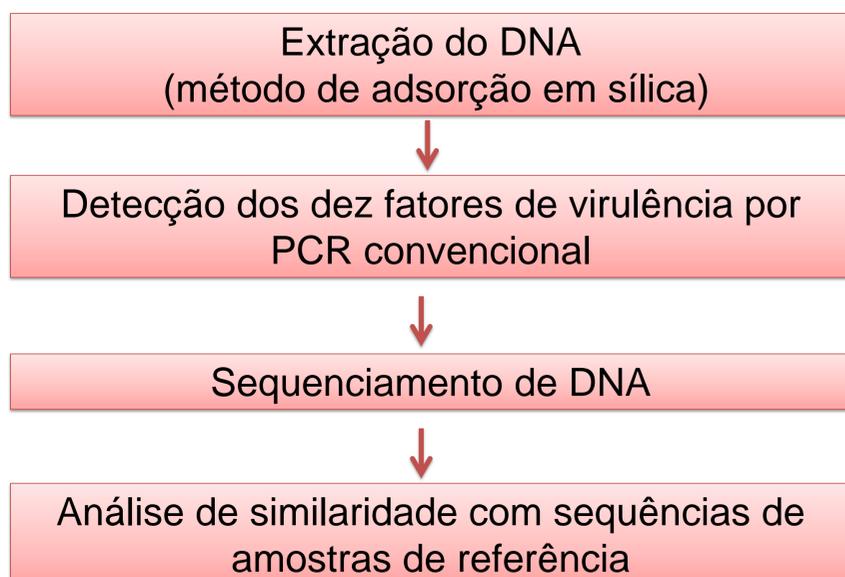


Figura 1. Distribuição geográfica dos 138 isolados de *Escherichia coli* utilizados neste estudo, divididos em galinhas e perus.

Métodos



Resultados

Os dez genes de virulência foram investigados nos 138 isolados. Os resultados mostraram que todos os dez genes de virulência foram detectados nos isolados brasileiros, com frequências que variaram de 39,9% (*irp2*) a 68,8% (*hlyF*, *sitA*). A identidade de nucleotídeos foi superior a 98% entre todos os genes sequenciados, tanto na comparação entre as amostras brasileiras como com as cepas de referência (Tabela 1).

Tabela 1. Frequência dos dez genes em APECs e AFECs em isolados brasileiros e média de identidade entre as sequências do estudo e cepas de referência depositadas no GenBank.

FVs	Frequência (%)	Média (%)
<i>tsh</i>	90,6	100 (99,7-100)
<i>sitA</i>	87,4	99,1 (98,0-100)
<i>ompT</i>	89,9	100 (99,8-100)
<i>iutA</i>	81,6	99,7 (98,5-100)
<i>iss</i>	78,2	100 (99,6-100)
<i>irp-2</i>	69,4	100 (99,6-100)
<i>iron</i>	70,3	100 (99,6-100)
<i>hlyF</i>	68,8	99,8 (99,3-100)
<i>fyuA</i>	56,3	99,6 (99,4-99,7)
<i>cvaC</i>	52,8	100 (98,8-100)

A análise estatística demonstrou frequência significativamente maior de todos os dez FVs (*cvaC*, *iron*, *iss*, *iutA*, *sitA*, *tsh*, *fyuA*, *irp2*, *ompT* e *hlyF*) nos isolados classificados como APEC do que nas amostras de AFEC (Tabela 2).

Tabela 2. Frequência dos fatores de virulência em APEC e AFEC. Análise estatística através dos testes χ^2 e Z.

Genes	APEC <i>n</i> = 79	AFEC <i>n</i> = 59	<i>p</i> -value (χ^2)	Z	<i>p</i> -value
10 FVs	(%)	(%)			
<i>hlyF</i>	100,0	27,1	<0,0001	9.4214	<0.05
<i>ompT</i>	100,0	25,4	<0,0001	9.3001	<0.05
<i>iron</i>	98,7	8,5	<0,0001	10.714	<0.05
<i>iss</i>	96,2	5,1	<0,0001	10.7089	<0.05
<i>iutA</i>	83,5	10,2	<0,0001	8.5367	<0.05
<i>sitA</i>	88,6	40,7	<0,0001	5.9771	<0.05
<i>tsh</i>	75,9	22,0	<0,0001	6.2773	<0.05
<i>cvaC</i>	65,8	10,2	<0,0001	6.5526	<0.05
<i>fyuA</i>	64,6	15,3	<0,0001	5.78	<0.05
<i>irp-2</i>	59,5	13,6	<0,0001	5.4525	<0.05

Conclusões

Estes dados demonstram que fatores de virulência previamente caracterizados em cepas de *E. coli* norte-americanas também estão presentes em isolados associados à colibacilose no Brasil. A análise por PCR permite a identificação de isolados patogênicos de *E. coli*.

Referências Bibliográficas

- Johnson TJ, Wannemuehler Y, Doetkott C, Johnson SJ, Rosenberger SC, Nolan LK. Identification of minimal predictors of avian pathogenic *Escherichia coli* virulence for use as a rapid diagnostic tool. *J Clin Microbiol*, n. 46 v. 12 p. 3987-3996. 2008
Rodriguez-Siek KE, Giddings CW, Doetkott C, Johnson TJ, Nolan LK. Characterizing the APEC pathotype. *Vet Res*, n. 36 v. 2 :p. 241-256. 2005.