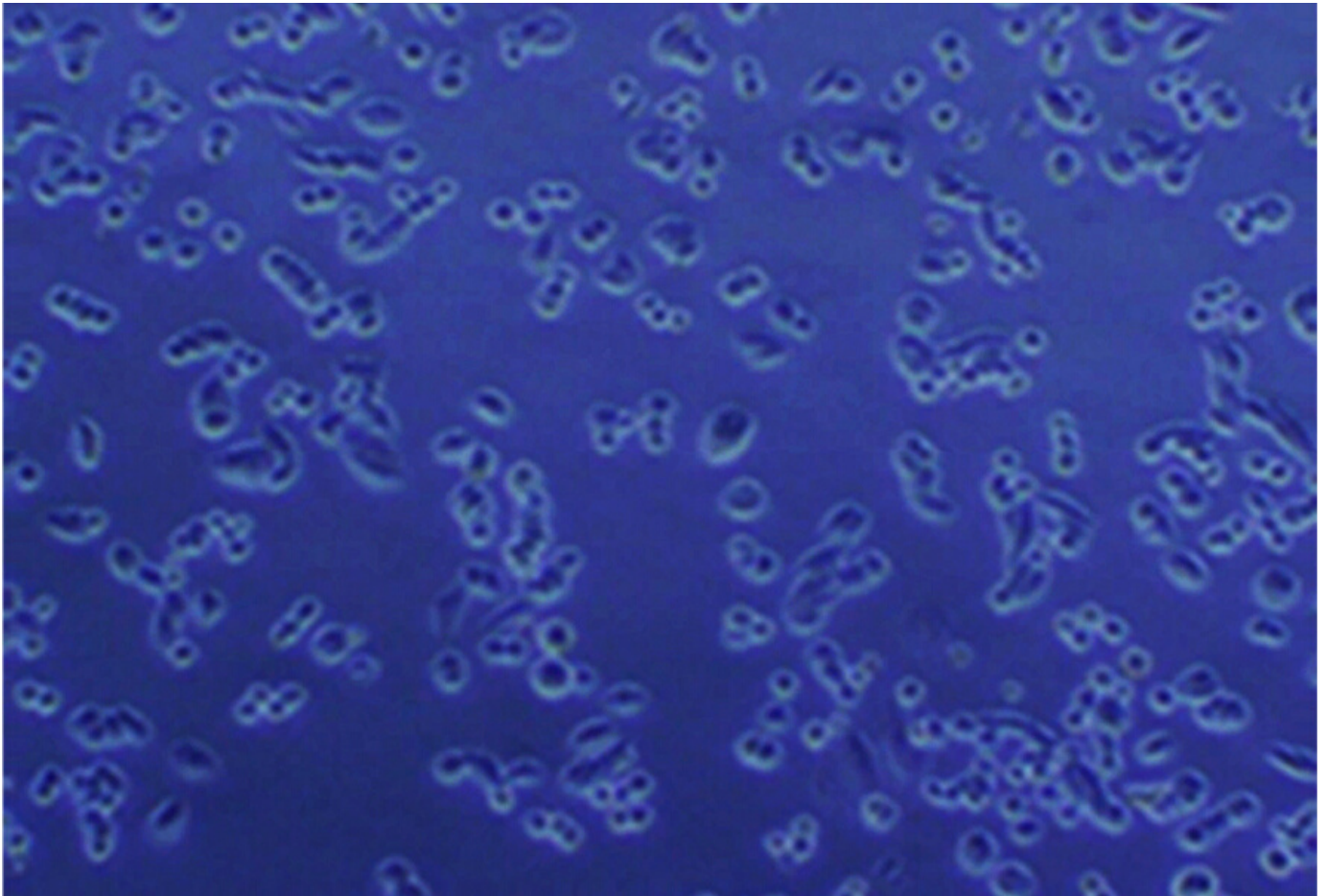


INSTITUTO ADOLFO LUTZ

# *Escherichia coli* **HIPERVIRULENTAS**

OUT 2023

 @IALutz



Secretaria da  
**Saúde**



**SÃO PAULO**  
GOVERNO DO ESTADO  
SÃO PAULO SÃO TODOS



Onde estamos?

# INVESTIGAÇÃO GENÔMICA

## **Instituto Adolfo Lutz realiza investigação genômica inédita de cepas de *Escherichia coli* associadas a doenças de transmissão hídrica e alimentar**

O Instituto Adolfo Lutz (IAL) realizou pela primeira vez no Brasil o **sequenciamento do genoma completo (WGS)** de uma coleção de cepas de *Escherichia coli* do sorotipo O157:H7 produtoras da toxina de Shiga (STEC). O patógeno é adquirido pelo consumo de **alimentos e água contaminados**, e pode também ser encontrado em reservatórios naturais como animais ruminantes e aves.

Embora o sorotipo STEC O157:H7 não seja o mais frequente no Brasil, historicamente é implicado como o principal agente **causador da colite hemorrágica e da Síndrome Hemolítica Urêmica (SHU)**. Essa colite é uma forma grave de diarreia aguda, que cursa com quadro inflamatório intestinal exacerbado, e a SHU é uma doença sistêmica, decorrente do agravamento da colite hemorrágica, e pode levar a falência renal e óbito, especialmente em crianças pequenas, idosos e indivíduos imunocomprometidos.

Na investigação genômica realizada pelo IAL, os **Núcleos de Doenças Entéricas e Infecções por Patógenos Especiais, do Centro de Bacteriologia e de Coleção de Micro-organismos, do Centro de Procedimentos Interdisciplinares**, com a expertise do **Laboratório Estratégico do Instituto Adolfo Lutz**, utilizaram o WGS como ferramenta de vigilância laboratorial desses agentes associados às doenças de transmissão hídrica e alimentar, com a produção de 38 genomas de isolados de STEC O157:H7, incluindo **cepas de origem humana, animal, de alimentos e de água**. Os isolados, oriundos de cinco estados do país, foram recebidos pelo IAL em virtude das atividades de vigilância das *E. coli* diarreiogênicas e SHU, agravos para o qual o Instituto é laboratório de referência nacional.

Resultados preliminares da investigação trazem luz a diversas questões relacionadas às características peculiares das STEC O157:H7 circulantes em nosso país. Os achados **explicam o motivo dessas bactérias apresentarem um comportamento mais agressivo** quando em contato com o hospedeiro humano, se comparadas aos demais tipos patogênicos de *E. coli*: a maioria das cepas analisadas possui um extenso repertório com mais de 200 genes associados à patogenicidade, como a **produção de outras toxinas, a capacidade de adesão e a de formação de biofilme, além de escape do sistema imunológico**. Além disso, de forma inédita no país, as análises dos dados de WGS evidenciam a ocorrência de diversos isolados STEC O157:H7 pertencentes ao clado filogenético 8, uma subpopulação de clones **capaz de expressar fenótipos de hipervirulência**, e conseqüentemente causar quadros clínicos mais graves.

