



Ciencia y Agricultura

ISSN: 0122-8420

ISSN: 2539-0899

Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia
(UPTC)

Sáenz Rojas, Sebastián Alejandro; Torres Caycedo, Maris Inés; López Velandia, Diana Paola
Genes y expresión de factores de virulencia en *Escherichia coli* aislada en animales de producción

Ciencia y Agricultura, vol. 19, núm. 2, 2022, pp. 63-75
Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia (UPTC)

DOI: <https://doi.org/10.19053/01228420.v19.n2.2022.13795>

Disponible en: <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=560073487005>

- Cómo citar el artículo
- Número completo
- Más información del artículo
- Página de la revista en redalyc.org



Sistema de Información Científica Redalyc
Red de Revistas Científicas de América Latina y el Caribe, España y Portugal
Proyecto académico sin fines de lucro, desarrollado bajo la iniciativa de acceso
abierto



Genes y expresión de factores de virulencia en *Escherichia coli* aislada en animales de producción

Genes and expression of virulence factors in *Escherichia coli* isolated from production animals

Sebastián Alejandro Sáenz Rojas¹
María Inés Torres Caycedo²
Diana Paola López Velandia³



DOI: <https://doi.org/10.19053/01228420.v19.n2.2022.13795>

RESUMEN: Los factores de virulencia de patógenos se expresan una vez superan los mecanismos fisiológicos de respuesta inmune por parte del organismo, *Escherichia coli* (*E. coli*) es una bacteria que se considera un problema en salud pública en todo el mundo debido a la alta prevalencia de mecanismos de resistencia y patogenicidad que expresa, se relaciona principalmente con infecciones intestinales y es transmitida en la cadena alimenticia; los determinantes genéticos que codifican factores de virulencia se trasladan entre diferentes especies o la misma, mediante el mecanismo de transferencia horizontal de genes. El objetivo de la presente revisión es describir factores de virulencia y genes que los codifican en cepas de *E. coli* aisladas de animales de producción y de productos alimenticios. En las bases de datos Medline, Lilacs, ScienceDirect, Scopus, SciELO y Dialnet, se realizó búsqueda utilizando una combinación de palabras claves validadas en inglés (gen, virulence, virulence factor, infection, horizontal gene transfer, mutation and production animals). En diferentes ambientes de producción se identificó la presencia de diferentes mecanismos de virulencia que varían según la especie animal y bacteriana, los genes con mayor circulación con *Stx1*, *Stx2* codificantes de toxinas, *Saa* de adhesinas, *ehxA* de enterohemolisina, *eaeA* de intimina, *lpfA* de fimbrias. La vigilancia y control microbiológico en el área alimenticia y de producción animal es de gran importancia para evitar posibles brotes de enfermedades en población susceptible, por efecto de los factores de virulencia.

PALABRAS CLAVES: Cadena Alimentaria, *Escherichia coli*, Genes, Reacción en cadena de la polimerasa, Virulencia.

ABSTRACT: The virulence factors of pathogens are expressed once they overcome the physiological mechanisms of immune response by the organism, *Escherichia coli* (*E. coli*) is a bacterium that is considered a public health problem worldwide due to the high prevalence of resistance and pathogenicity mechanisms expressed, it is mainly related to intestinal infections and is transmitted in the food chain; the genetic determinants encoding virulence factors are transferred between different species or the same, through the mechanism of horizontal gene transfer. The present review aims to describe virulence factors and genes encoding them in *E. coli* strains isolated from production animals and food products. The databases Medline, Lilacs, ScienceDirect, Scopus, SciELO, and Dialnet were searched using a combination of validated keywords in English (gene, virulence, virulence factor, infection, horizontal gene transfer, mutation, and production animals). Different virulence mechanisms were identified in different production environments, which vary according to the animal and bacterial species. The genes with the highest circulation were *Stx1*, *Stx2* coding for toxins, *Saa* for adhesins, *ehxA* for enterohemolysin, *eaeA* for intimin, and *lpfA* for fimbriae. Microbiological surveillance and control in the food and animal production area are of great importance to avoid possible disease outbreaks in susceptible populations, due to the effect of virulence factors.

KEY WORDS: *Escherichia coli*, Food Chain, Genes, Polymerase Chain Reaction, Virulence.

FECHA DE RADICACIÓN: 03 de diciembre de 2021 **FECHA DE APROBACIÓN:** 20 de junio de 2022

CÓMO CITAR: Sáenz Rojas, S. A., Torres Caycedo, M. I., & López Velandia, D. P. Genes y expresión de factores de virulencia en *Escherichia coli* aislada en animales de producción. *Ciencia y Agricultura*, 19(2), 63-75. <https://doi.org/10.19053/01228420.v19.n2.2022.13795>

- 1 Universidad de Boyacá. Semillero de Investigación de Resistencia Antimicrobiana (SIRA). (Tunja-Boyacá, Colombia). sasaenz@uniboyaca.edu.co, ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-1283-9877>
- 2 Bac. MSc Ciencias biológicas. Universidad de Boyacá, Facultad de ciencias de la salud. (Tunja-Boyacá, Colombia). mariaitorres@uniboyaca.edu.co, ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-0690-3182>
- 3 Bac. MSc Ciencias biológicas. Universidad de Boyacá, Facultad de ciencias de la salud. (Tunja-Boyacá, Colombia). Autor de correspondencia: dplopez@uniboyaca.edu.co, ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-5408-6140>

INTRODUCCIÓN

Los microorganismos patógenos se caracterizan por la capacidad de producir daño leve o grave mediado estrictamente por las condiciones del hospedero que lo albergue (inmunosuprimido o inmunocompetente) (Martín et al., 2018). Los factores de virulencia emergen una vez el patógeno supera los mecanismos fisiológicos de respuesta inmune del organismo a infectar y se definen como una medida cuantitativa de la gravedad y número de microorganismos necesarios para causar una enfermedad, es decir, es el grado de patogenicidad (Bag et al., 2021; Soares et al., 2021). Debido a la eficacia de los mecanismos se considera que una bacteria puede ser poco o muy virulenta, estos se identifican en dos grupos de fase temprana y de fase tardía (Nüesch et al., 2021). Se relacionan en la fase temprana los mecanismos utilizados para el ingreso y en la puerta de entrada como las estrategias de adherencia, movilidad, quimiotaxis o invasión y en la fase tardía los de sobrevivencia intracelular de la bacteria como la producción de sideróforos, capsulas, el mimetismo molecular, producción de enzimas o modificación de proteínas (Márquez et al., 2018, Vidal et al., 2016).

La enterobacteria *Escherichia coli* (*E. coli*), bacteria Gram negativa, no formadora de esporas y móvil por flagelos peritricos, es un microorganismo que se encuentra colonizando el tracto gastrointestinal de animales y humanos lo que facilita su diseminación por medio de las heces (Umpiérrez et al., 2021; Sanchez, 2019). Esta genera consecuencias en la producción, salud animal y humana, por el inadecuado manejo de los animales en la industria ganadera, porcina o avícola, potencia la circulación de bacterias resistentes y con altos porcentajes de virulencia, derivado del uso inadecuado de antimicrobianos, utilizados como factores de crecimiento, en prácticas de engorde (Yin et al., 2021; Cardona et al., 2020). Además, la falta de control en los tratamientos aplicados en animales con alguna patología y, que al ser consumidos condicionan una transferencia horizontal de genes ya sean de factores de virulencia o resistencia bacteriana que actualmente son prevalentes en la industria animal y que conlleva a la generación de infecciones de mayor gravedad y con un nivel menor de eficacia en respuesta a la terapia antibiótica (Marazzato et al., 2020, Zotta et al., 2016). Teniendo en cuenta lo anterior el objetivo de la presente revisión es describir factores de virulencia y los genes involucrados en cepas de *E. coli* aisladas de animales de producción.

MATERIALES Y MÉTODOS

Se realizó una revisión bibliográfica descriptiva sobre los principales genes y factores de virulencia de *E. coli* aislada de productos alimenticios y animales de producción en las bases de datos Medline, Lilacs, ScienceDirect, Scopus, SciELO y Dialnet. Para la búsqueda se aplicaron combinaciones de palabras claves validadas en inglés (gen, virulence, virulence factor, infection,

horizontal gene transfer, mutation y production animals). Se incluyó publicaciones en un periodo de 6 años (2016-2021), correspondientes investigaciones, artículos de investigación original o de revisión, disponibles en inglés o español

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Factores de virulencia en *Escherichia coli*

E. coli coloniza el intestino del hombre pocas horas después del nacimiento y es considerada como parte de la microbiota, se describen seis grupos productores de patologías principalmente de tipo gástrico: enterotoxigénica (ETEC) que tiene la capacidad de invadir tejidos gracias a fimbrias y variedad de pilis llamados factores de colonización, el principal mecanismo de daño es la producción de enterotoxinas conocidas como termolábil (LT) y termoestable (ST) (Cruz et al., 2020); enterohemorrágica (EHEC) productora de enzimas citotóxicas las cuales causan alteraciones a nivel inmunológico y celular, posee mecanismos de adherencia y esfacelación; enteroinvasiva (EIEC) el mecanismo de patogenicidad es la invasión del epitelio del colon por medio de adhesinas y endocitosis celular (Akomoneh et al., 2020; Fu et al., 2017); enteropatógena (EPEC) cuyo principal factor de virulencia es la adherencia localizada mediada por pilis o fimbrias rizadas que se llaman *Bfp* (bundle-forming pilus) causando daños en las microvellosidades de las células intestinales (Sarowska et al., 2019); enteroagregativa (EAEC) produce daño por medio de la adherencia agregativa, caracterizada por autoaglutinación que se puede dar por fimbrias y la adhesina flexible y por último *E. coli* de adherencia difusa (DAEC) que presenta una fimbria de superficie, conocida como F1845 y los genes que codifican pueden encontrarse tanto en cromosomas como en plásmidos (Thierry et al., 2020). De igual manera se informan que la presencia o ausencia de algunos factores influyen en el grado de virulencia y por ende de patogenicidad en cepas bacterianas (Alonso et al., 2016).

Cada mecanismo de virulencia y en conjunto generan el daño celular una vez el microorganismo coloniza las células blanco, se produce la sintomatología específica y la expresión de la enfermedad como se evidencia en la Figura 1. EPEC se considera el serotipo más asociado a la producción de diarrea en lechones, infecciones respiratorias en aves y mastitis en los bovinos (Al-Arfaj et al., 2016). EIEC es de relevante en lactantes jóvenes y su manifestación general es diarrea y en ocasiones acompañada de sangre y moco (Taha y Yassin, 2019). ETEC frecuentemente causa colibacilosis en el sector avícola mientras que en los humanos es el principal agente causal de la diarrea acuosa del viajero (Ateba y Mbewe, 2016). EAEC que causa diarrea con presencia de moco y EHEC, causa dolor abdominal, diarrea sanguinolenta y fiebre

(Farfán et al., 2016, Zhuge et al., 2016). *E. coli* productora de toxina shiga es el principal agente etiológico asociado al síndrome hemolítico urémico (SHU), caracterizado por daño renal, anemia hemolítica microangiopática y trombocitopenia la cual suele ser mortal, de igual manera es responsable de mastitis bovina en el mayor de los casos producidos por agentes bacterianos (Pearson et al., 2016).

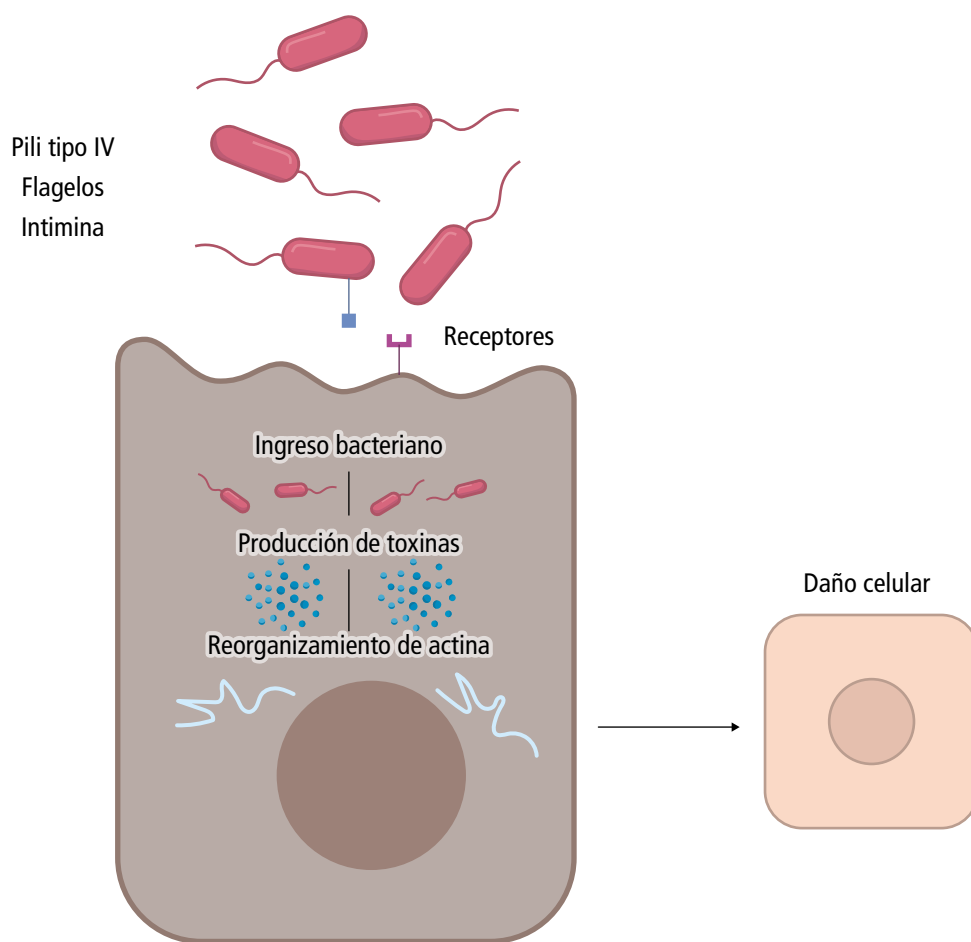


FIGURA 1. Esquema general mecanismo de acción *Escherichia coli* en mucosa intestinal.

Fuente: Elaboración propia

En la producción animal, los factores de virulencia involucrados en patologías intra y extraintestinales que se han estudiado son la adhesión, supervivencia sérica, sistemas de adquisición de hierro, fimbrias, producción de hemaglutinina, enterohemolisina y citotoxina, invasión celular y producción de sideróforos (Varga et al., 2018; Carvajal, 2021).

Genes involucrados en la expresión de factores de virulencia en *E. coli*

Es de gran importancia conocer los factores de virulencia en producción animal, con la finalidad de prevenir la transmisión tipo horizontal de bacteria a bacteria y en la cadena alimenticia a los humanos, la exploración permite proponer la generación de herramientas, tratamientos o soluciones en la salud animal de los criaderos disminuyendo la circulación de los genes de interés en la producción de patologías (Wu et al., 2018; Sunde et al., 2021).

En múltiples investigaciones alrededor del mundo se ha podido generar conocimiento en la distribución de genes de virulencia tanto en animales de producción como en productos derivados para el consumo los cuales se describen en la tabla 1. Estos genes que codifican principalmente para la producción de toxinas ya sean termolábiles, termoestables, tipo shiga, citotoxinas y verotoxina son la principal fuente de infección intestinal grave en niños y personas susceptibles, así como la principal causa de muerte de tipo bacteriano (Le et al., 2017; Rípodas et al., 2017).

Diferentes investigaciones reportan similitudes en la identificación de genes de virulencia, en el caso de los estudios basados en alimentos y productos cárnicos de diferentes orígenes (bovino y porcino) reportan en México, a partir de muestras animales la presencia del gen *Stx1*, *Stx2* y *hlyA* en un 1,9%, 17,7% y 21,5% respectivamente (Martínez et al., 2018, Moeinirad, et al., 2021).

En Colombia identificaron el gen *lpfAO113* y *ehxA* en un 100% de las muestras analizadas (Martín et al., 2018, Thierry et al., (2020) en muestras de origen alimentario caracterizaron la presencia de los genes *stx1*, *stx2*, *eae*, *saa* y *ehxA*; subtipos y serotipos de *stx*, en un 62,5% se identificó *stx2*, subtipo asociado con enfermedad humana grave como el síndrome urémico hemolítico (Alonso et al., 2016; Bolukaoto et al., 2019).

En la cadena de producción, los animales son el primer eslabón para conocer la distribución de genes de virulencia en la microbiota bacteriana ya sea en aves de corral, bovinos, porcinos, caprinos e inclusive animales que son de consumo en ciertos países como los venados; Li et al., (2018) reportan la incidencia de diferentes genes involucrados en la patogenicidad aviar (*iroN*, *ompT*, *hlyF*, *iss*, *iutA* y *fimC*) y genes involucrados en la producción de patologías intestinales (*eae*, *stx*, *elt / est*, *ipaH* y *aggR*) en un 98% de las cepas analizadas de muestras de pollos de engorde (Li et al., 2018); mientras que Carranza et al., (2016) identificaron los genes *iss*, *iucC*, *tsh*, *cvaC* e *irp2* en un 65,5% en muestras aisladas de la misma especie aviar; lo que sugiere que las cepas aisladas de las diferentes especies de aves son altamente patógenas para el ser humano y que la presencia de los genes de virulencia puede variar dependiendo la zona geográfica y el serotipo específico de *E. coli* (Carranza et al., 2016).

TABLA 1. Genes de virulencia identificados en cepas de *E. coli* en animales

Factor de virulencia	Producción pecuaria				
	Bovinos	Aves	Porcinos	Venados, ovinos y caprinos	Alimentos procesados
Producción de toxinas	<i>Stx1 y stx2</i> <i>STa, STb, eLTa</i>	<i>Stx1 y stx2</i> <i>STa, STb, eLTa</i> <i>senB</i> <i>toxB</i> <i>astA</i> <i>vat</i> <i>ctdB</i>	<i>Stx1 y stx2</i> <i>Stx2e</i> <i>STa, STb, eLTa</i>	<i>Stx1 y stx2</i> <i>Stx2D</i> <i>uidA</i>	<i>Stx1 y stx2</i>
Producción de adhesinas	<i>f17A</i> <i>afa8E</i> <i>papC</i> <i>clpG</i> <i>f17G(II)</i>	<i>Saa</i> <i>NfaE</i> <i>ipaH</i>	<i>Saa</i> <i>PapC</i> <i>aggA</i>	<i>papC</i> <i>Saa</i> <i>nfaE</i>	
Producción de enterohemolisina	<i>hlyA</i> <i>ehxA</i>	<i>ehxA</i> <i>hlyA</i>	<i>ehxA</i>	<i>hlyA</i>	<i>ehxA y hlyA</i>
Producción de hemaglutinina		Tsh			
Producción de intimina	<i>Eae</i>	<i>Eae</i> <i>eaeA</i>	<i>Eae</i>	<i>eaeA</i>	
Sistemas de adquisición de hierro	<i>fyuA</i>	<i>iroN</i>			
Invasión celular	<i>papEF</i>	<i>ibeA</i> <i>gimB</i>		<i>ibeA</i>	<i>invE</i>
Supervivencia sérica	<i>Iss</i>	<i>Iss</i>	<i>iss</i>	<i>iss</i>	
Producción y receptores de sinedoforos	<i>iutA</i>	<i>ireA</i> <i>fimC</i>			
Fimbrias	<i>sfaD-E</i> <i>f17G(I)</i> <i>F41</i>	<i>lpfA</i>		<i>lpfA</i>	<i>bfpA</i> <i>daaC</i>

Fuente: Elaboración propia

Las distribuciones de complejos clónales y genes de virulencia fueron similares a otras *E. coli* puede ser extraintestinal o comensal de humanos y otros animales, lo que posibilita el potencial zoonótico (Douëllou et al., 2016). La similitud de genes que se encuentra en animales de la misma especie podría indicar la presencia de mecanismos de transferencia bacteriana, en el estudio generado por Randall et al. (2016) se encontró que los aislados codificaron genes de virulencia como el *iss* (aumento de la supervivencia sérica, 41%), *lpfA* (fimbrias polares largas, 19%) y *astA* (toxina termoestable enteroagregativa, 14%) entre los genes de virulencia más comunes detectados en otros estudios que incluyen bovinos enfermos o sanos (Zhang et al., 2018; Zhang et al., 2021; Brusa et al., 2020).

Douëllou et al. (2016) evaluaron la frecuencia de diferentes genes como *stx1* el cual se encontró mayor prevalencia entre los aislamientos de O26: H11 (*E. coli*) de productos lácteos que en muestras aisladas de humanos (87% frente

a 44%) mientras que *stx2* fue más prevalente entre los aislamientos humanos de O26: H11 (23% frente a 81%) (Douëllou et al., 2016). De igual manera se han realizado estudios en el ambiente donde viven los animales, Gazal et al., (2016) analizaron cepas aisladas de fertilizantes orgánicos utilizados para los galpones de aves de criadero y aproximadamente el 90% de los aislamientos cuenta con el factor de adherencia células HEp-2, y el patrón predominante fue la adherencia agregada (74,1%) de igual manera los genes *fimH*, *ecpA*, *sitA*, *traT*, *iutA*, *iroN*, *hlyF*, *ompT* y *iss* fueron encontrados en al menos una cepa bacteriana. También presentan la formación de biopelículas, en un 25% de los aislamientos (Gazal et al., 2016; Fayemi et al., 2021).

Relación entre factores de virulencia y resistencia bacteriana

La resistencia bacteriana actualmente es uno de los problemas con más amenaza para la salud, la seguridad alimentaria y el desarrollo animal el cual es un fenómeno natural o inducido que adoptan diferentes microorganismos a medicamentos (antibióticos) evitando su mecanismo de acción y la eliminación del agente causal de la infección provocando estancias largas en el hospital, aumento de costos y tratamientos que ponen en riesgo la salud de la población en general (Martínez et al., 2018; Keane, 2016). La virulencia bacteriana ha experimentado un proceso evolutivo a largo plazo dependiente de la relación huésped/patógeno, mientras que la resistencia a los antimicrobianos ha experimentado una evolución completamente diferente, rápida y constante cambio por la presión biológica provocada por la introducción de los fármacos antibacterianos en la medicina humana (He et al., 2020). Esta fuerte presión obliga a los microorganismos a adaptarse con adquisición o desarrollo de nuevos mecanismos de resistencia, lo que lleva a cambios importantes en las funciones celulares, virulencia y adaptabilidad de las bacterias, que impacta en el tratamiento de infecciones y en las pocas alternativas que existen en la actualidad (Herrera et al., 2019; Kaushik et al., 2018).

Se presentan diferentes estudios en ambientes de producción vacuno, avícola que muestran la presencia de los factores de virulencia, cepas que a su vez expresan fenotipo de BLEE principalmente y AmpC. (Cunha et al., 2016). Estos estudios fundamentan las estrategias para identificar las medidas de contención de la *E coli* patógena resistente de acuerdo con la tendencia en la direccionalidad de la diseminación en las cadenas productivas (Millán et al., 2018, Carvajal et al., 2021). Por ello es indispensable que cambie de manera urgente la forma de prescribir antibióticos, su uso tanto humano como animal, son medidas en las que se puede reducir la propagación de las infecciones, de igual manera a través de la vacunación, el lavado de las manos, la seguridad alimenticia y el mejoramiento de las condiciones de vida de los animales teniendo en cuenta el uso adecuado de medicamentos promotores

de crecimiento animal pueden garantizar la disminución de la evolución de este problema en salud mundial (Do et al., 2020; Ranjbar et al., 2017).

CONCLUSIONES

E. coli es un microorganismo que se caracteriza por presentar una gran variabilidad genética a nivel de factores de virulencia, encontrando genes como *stx1*, *stx2*, *vat*, *eae*, *iss*, *bfp*, *hly*, *papC* y *elt*, siendo los de mayor prevalencia en distintas poblaciones animales; las cuales afecta el bienestar y la generación de productos alimenticios. La producción de toxinas de los microorganismos, como expresión de factores de virulencia, es un tema estudiado de manera constante debido a su gran variedad y diferentes formas de acción según su origen. El conocimiento de la circulación de genes en cepas patógenas aisladas de humanos es un punto de comparación con las de origen animal para llegar a la identificación de los posibles mecanismos de transferencia y virulencia genética para la generación de medidas preventivas tanto en el área veterinaria como de salud humana.

En los ambientes de producción pecuaria, la diversidad genética de *E. coli* de los diferentes serotipos cobra importancia desde el punto de vista epidemiológico, el conocimiento sobre la distribución y circulación de genes que pueden generar patologías de importantes en salud pública, requiere de la vigilancia y control microbiológico en el área alimenticia y de producción animal para evitar posibles brotes de enfermedades en la población susceptible.

AGRADECIMIENTOS

A la Universidad de Boyacá.

REFERENCIAS

- Akomoneh, E. A., Esemu, S. N & Kfusi, A. J. (2020). Prevalence and virulence gene profiles of *Escherichia coli* O157 from cattle slaughtered in Buea, Cameroon. *PLoS ONE*, 15(12 December), e0235583. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0235583>
- Al-Arfaj, A., Ali, S., Hessain, M., Zakri, M., Dawoud, M., Al-Maary, S., & Moussa, M. (2016). Phenotypic and genotypic analysis of pathogenic *Escherichia coli* virulence genes recovered from Riyadh, Saudi Arabia. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 23(6), 713–717. <https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2015.11.011>
- Alonso, M. Z., Krüger, A., Sanz, M. E., Padola, N. L., & Lucchesi, P. M. A. (2016). Serotypes, virulence profiles and stx subtypes of Shigatoxigenic *Escherichia coli* isolated from chicken derived products. *Revista Argentina de Microbiología*, 48(4), 325–328. <https://doi.org/10.1016/j.ram.2016.04.009>
- Ateba, C. N., & Mbewe, M. (2016). Detection of *Escherichia coli* O157:H7 virulence genes in isolates from beef, pork, water, human and animal species in the

- northwest province, South Africa: Public health implications. *Research in Microbiology*, 162(3), 240–248. <https://doi.org/10.1016/j.resmic.2010.11.008>
- Bag, M. A. S., Khan, M. S. R., Sami, M. D. H., Begum, F., Islam, M. S., Rahman, M. M., Rahman, M. T., & Hassan, J. (2021). Virulence determinants and antimicrobial resistance of *E. coli* isolated from bovine clinical mastitis in some selected dairy farms of Bangladesh. *Saudi Journal of Biological Sciences*. <https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2021.06.099>
- Bolukaoto, J. Y., Kock, M. M., Strydom, K. A., Mbelle, N. M., & Ehlers, M. M. (2019). Molecular characteristics and genotypic diversity of enterohaemorrhagic *Escherichia coli* O157:H7 isolates in Gauteng region, South Africa. *Science of the Total Environment*, 692, 297–304. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2019.07.119>
- Brusa, V., Costa, M., Padola, N. L., Etcheverría, A., Sampredo, F., Fernandez, P. S., Leotta, G. A., & Signorini, M. L. (2020). Quantitative risk assessment of haemolytic uremic syndrome associated with beef consumption in Argentina. *PLoS ONE*, 15(11 November), e0242317. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0242317>
- Cadona, J. S., Burgán, J., González, J., Bustamante, A. V., & Sanso, A. M. (2020). Differential expression of the virulence gene *nleB* among Shiga toxin-producing *Escherichia coli* strains. *Heliyon*, 6(6), e04277. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2020.e04277>
- Carranza, C., León, R., Falcón, N., Neumann, A., & Kromm, C. (2016). Characterization and distribution of potentially avian pathogenic *Escherichia coli* isolates from broilers in Peru. *Revista de Investigaciones Veterinarias Del Peru*, 23(2), 209–219. <https://doi.org/10.15381/rivep.v23i2.901>
- Carvajal, E., Rueda, E., Talavera, M., Torres, M., López, D., & Vásquez, M. C. (2021). Resistencia a antibióticos betalactámicos y quinolonas en *Escherichia coli* aislada de pollos broiler. *Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú*, 32(2). <http://dx.doi.org/10.15381/rivep.v32i2.20012>
- Cruz-Soto, A. S., Toro-Castillo, V., Munguía-Magdaleno, C. O., Torres-Flores, J. E., Flores-Pantoja, L. E., Loeza-Lara, P. D., Jiménez-Mejía, R., Cruz-Soto, A. S., Toro-Castillo, V., Munguía-Magdaleno, C. O., Torres-Flores, J. E., Flores-Pantoja, L. E., Loeza-Lara, P. D., & Jiménez-Mejía, R. (2020). Relación genética, formación de biopelículas, movilidad y virulencia de *Escherichia coli* aislada de mastitis bovina. *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias*, 11(1), 167–182. <https://doi.org/10.22319/RMCP.V11I1.4998>
- Cunha, M. P. V., De Oliveira, M. G. X., De Oliveira, M. C. V., Da Silva, K. C., Gomes, C. R., Moreno, A. M., & Knöbl, T. (2016). Virulence profiles, phylogenetic background, and antibiotic resistance of *Escherichia coli* isolated from turkeys with airsacculitis. *Scientific World Journal*, 2014. <https://doi.org/10.1155/2014/289024>
- Do, K. H., Park, H. E., Byun, J. W., & Lee, W. K. (2020). Virulence and antimicrobial resistance profiles of *Escherichia coli* encoding *mcr* gene from diarrhoeic weaned piglets in Korea during 2007–2016. *Journal of Global Antimicrobial Resistance*, 20, 324–327. <https://doi.org/10.1016/j.jgar.2019.09.010>
- Douëllou, T., Delannoy, S., Ganet, S., Mariani-Kurkdjian, P., Fach, P., Loukiadis, E., Montel, M., & Thevenot-Sergentet, D. (2016). Shiga toxin-producing *Escherichia coli* strains isolated from dairy products — Genetic diversity and virulence gene profiles. *International Journal of Food Microbiology*, 232, 52–62. <https://doi.org/10.1016/J.IJFOODMICRO.2016.04.032>

- Farfán, A., Ariza, E., Vargas, S., & Vargas, L (2016). Virulence mechanisms of enteropathogenic *Escherichia coli*. *Revista Chilena de Infectología*, 33(4), 438–450. <https://doi.org/10.4067/S0716-10182016000400009>
- Fayemi, O. E., Akanni, G. B., Elegbeleye, J. A., Aboaba, O. O., & Njage, P. M. (2021). Prevalence, characterization and antibiotic resistance of Shiga toxigenic *Escherichia coli* serogroups isolated from fresh beef and locally processed ready-to-eat meat products in Lagos, Nigeria. *International Journal of Food Microbiology*, 347, 109191. <https://doi.org/10.1016/J.IJFOODMICRO.2021.109191>
- Fu, Q., Su, Z., Cheng, Y., Wang, Z., Li, S., Wang, H., Sun, J., & Yan, Y. (2017). Clustered, regularly interspaced short palindromic repeat (CRISPR) diversity and virulence factor distribution in avian *Escherichia coli*. *Research in Microbiology*, 168(2), 147–156. <https://doi.org/10.1016/J.RESMIC.2016.10.002>
- Gazal, L. E. S., Puno-Sarmiento, J. J., Medeiros, L. P., Cyويا, P. S., Da Silveira, W. D., Kobayashi, R. K. T., & Nakazato, G. (2016). Presence of pathogenicity islands and virulence genes of extraintestinal pathogenic *Escherichia coli* (ExPEC) in isolates from avian organic fertilizer. *Poultry Science*, 94(12), 3025–3033. <https://doi.org/10.3382/PS/PEV278>
- He, L., Simpson, D. J., & Gänzle, M. G. (2020). Detection of enterohaemorrhagic *Escherichia coli* in food by droplet digital PCR to detect simultaneous virulence factors in a single genome. *Food Microbiology*, 90, 103466. <https://doi.org/10.1016/j.fm.2020.103466>
- Herrera Arias, F., Santos Buelga, J., & Villamizar Gallardo, R. (2019). Primer reporte de *Escherichia coli* productora de toxina shiga no O157 que codifica el gen de la enterohemolisina en carne cruda en Colombia. *Arch. Latinoam. Nutr.*, 59–67. <https://www.alanrevista.org/ediciones/2019/1/art-8/>
- Kaushik, P., Anjay, Kumari, S., Dayal, S., & Kumar, S. (2018). Antimicrobial resistance and molecular characterisation of *E. coli* from poultry in eastern India. *Veterinaria Italiana*, 54(3), 197–204. <https://doi.org/10.12834/VetIt.330.1382.2>
- Keane, O. M. (2016). Genetic diversity, the virulence gene profile and antimicrobial resistance of clinical mastitis-associated *Escherichia coli*. *Research in Microbiology*, 167(8), 678–684. <https://doi.org/10.1016/J.RESMIC.2016.06.011>
- Le Strange, K., Markland, S. M., Hoover, D. G., Sharma, M., & Kniel, K. E. (2017). An evaluation of the virulence and adherence properties of avian pathogenic *Escherichia coli*. *One Health*, 4, 22–26. <https://doi.org/10.1016/j.onehlt.2017.08.001>
- Li, G.; Mohamed, L.; Zhao, G.; Gao, Y.; Kaidi, R.; Mustapha, O.; Wang, J & Oumouna, K. (2018). Virulence traits of avian pathogenic (APEC) and fecal (AFEC) *E. coli* isolated from broiler chickens in Algeria. *Tropical Animal Health and Production*, 50(3), 547–553. <https://doi.org/10.1007/S11250-017-1467-5>
- Marazzato, M., Aleandri, M., Massaro, M. R., Vitanza, L., Conte, A. L., Conte, M. P., Nicoletti, M., Comanducci, A., Goldoni, P., Maurizi, L., Zagaglia, C., & Longhi, C. (2020). *Escherichia coli* strains of chicken and human origin: Characterization of antibiotic and heavy-metal resistance profiles, phylogenetic grouping, and presence of virulence genetic markers. *Research in Veterinary Science*, 132, 150–155. <https://doi.org/10.1016/J.RVSC.2020.06.012>
- Márquez, H., Quiroz, I., Miranda, P., Vidales, E., Sánchez, H., & López, A. (2018). Genes de virulencia y grupo filogenético en aislados de *Escherichia coli* patogénica aviar.

- Archivos de Medicina*, ISSN-e 1698-9465, Vol. 14, Nº. 1, 2018, 14(1), 2. <https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=6373537&info=resumen&idioma=ENG>
- Martín, C., Jimena, C., Sanso, S., & Mariel, A. (2018). Distribución de genes de virulencia en *Escherichia coli* verotoxigénico O91 de bovinos y alimentos cárnicos. 14–34. <https://www.ridaa.unicen.edu.ar/xmlui/bitstream/handle/123456789/2027/CHRISTENSEN%2C%20MARTIN.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
- Martínez-Vázquez, A. V., Rivera-Sánchez, G., Lira-Méndez, K., Reyes-López, M. Á., & Bocanegra-García, V. (2018). Prevalence, antimicrobial resistance and virulence genes of *Escherichia coli* isolated from retail meat in Tamaulipas, Mexico. *Journal of Global Antimicrobial Resistance*, 14, 266–272. <https://doi.org/10.1016/j.jgar.2018.02.016>
- Millán, Y., Méndez, A., Burguera, M., Pimentel, P., Araque, M., & Ramírez, A. (2018). Determinación de Enterobacterias y detección de genes de virulencia en *Escherichia coli* aislada en leche cruda. *Revista de La Sociedad Venezolana de Microbiología*, 38(2), 58–63. http://saber.ucv.ve/ojs/index.php/rev_vm/article/view/16260
- Moeinirad, M., Douraghi, M., Foroushani, A. R., Sanikhani, R., & Dallal, M. M. S. (2021). Molecular characterization and prevalence of virulence factor genes of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* (STEC) isolated from diarrheic children. *Gene Reports*, 25, 101379. <https://doi.org/10.1016/j.genrep.2021.101379>
- Nüesch-Inderbilen, M., Stevens, M. J., Cernela, N., Müller, A., Biggel, M., & Stephan, R. (2021). Distribution of virulence factors, antimicrobial resistance genes and phylogenetic relatedness among Shiga toxin-producing *Escherichia coli* serogroup O91 from human infections. *International Journal of Medical Microbiology*, 311(8), 151541. <https://doi.org/10.1016/j.ijmm.2021.151541>
- Pearson, J. S., Giogha, C., Wong Fok Lung, T., & Hartland, E. L. (2016). The Genetics of Enteropathogenic *Escherichia coli* Virulence. In *Annual Review of Genetics* (Vol. 50, pp. 493–513). Annual Reviews. <https://doi.org/10.1146/annurev-genet-120215-035138>
- Randall, L., Wu, G., Phillips, N., Coldham, N., Mevius, D., & Teale, C. (2016). Virulence genes in bla CTX-M *Escherichia coli* isolates from chickens and humans. *Research in Veterinary Science*, 93(1), 23–27. <https://doi.org/10.1016/j.rvsc.2016.06.016>
- Ranjbar, R., Masoudimanesh, M., Dehkordi, F. S., Jonaidi-Jafari, N., & Rahimi, E. (2017). Shiga (Vero)-toxin producing *Escherichia coli* isolated from the hospital foods virulence factors, o-serogroups and antimicrobial resistance properties. *Antimicrobial Resistance and Infection Control*, 6(1), 1–11. <https://doi.org/10.1186/s13756-016-0163-y>
- Ripodas, A., Fernández, D., & Macho, M. (2017). Investigación de *Escherichia Coli* productor de toxinas Shiga (STEC) en carnes y derivados cárnicos. *Sanidad Militar*, 73(3), 147–152. <https://doi.org/10.4321/s1887-85712017000300002>
- Sanchez, A. (2019). Caracterización molecular de factores de virulencia y genotipos de *Escherichia coli* aislada en langostino (*litopenaeus vannamei*) y camarones de río (*cryphiops caementarius*) en terminales pesqueros de Lima metropolitana. [Universidad Peruana Cayetano Heredia]. In *Journal of Chemical Information and Modeling* (Vol. 53, Issue 9). <https://repositorio.upch.edu.pe/handle/20.500.12866/3680>

- Sarowska, J., Futoma-Koloch, B., Jama-Kmiecik, A., Frej-Madrzak, M., Ksiazczyk, M., Bugla-Ploskonska, G., & Choroszy-Krol, I. (2019). Virulence factors, prevalence and potential transmission of extraintestinal pathogenic *Escherichia coli* isolated from different sources: Recent reports. In *Gut Pathogens* (Vol. 11, Issue 1, pp. 1–16). BioMed Central Ltd. <https://doi.org/10.1186/s13099-019-0290-0>
- Soares, B. D., de Brito, K. C. T., Grassotti, T. T., Filho, H. C. K., de Camargo, T. C. L., Carvalho, D., Dorneles, I. C., Otutumi, L. K., Cavalli, L. S., & de Brito, B. G. (2021). Respiratory microbiota of healthy broilers can act as reservoirs for multidrug-resistant *Escherichia coli*. *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases*, 101700. <https://doi.org/10.1016/j.cimid.2021.101700>.
- Sunde, M., Ramstad, S. N., Rudi, K., Porcellato, D., Ravi, A., Ludvigsen, J., ... & Telke, A. A. (2021). Plasmid-associated antimicrobial resistance and virulence genes in *Escherichia coli* in a high arctic reindeer subspecies. *Journal of Global Antimicrobial Resistance*, 26, 317–322. <https://doi.org/10.1016/j.jgar.2021.06.003>
- Taha, Z. M., & Yassin, N. A. (2019). Prevalence of diarrheagenic *Escherichia coli* in animal products in Duhok province, Iraq. *Iranian Journal of Veterinary Research*, 20(4), 255–262. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6983314/>. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6983314/pdf/ijvr-20-255.pdf>
- Thierry, S. I. L., Gannon, J. E., Jaufeerally-Fakim, Y., & Santchurn, S. J. (2020). Shiga-toxigenic *Escherichia coli* from animal food sources in Mauritius: Prevalence, serogroup diversity and virulence profiles. *International Journal of Food Microbiology*, 324. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2020.108589>
- Umpiérrez, A., Ernst, D., Fernández, M., Oliver, M., Casaux, M. L., Caffarena, R. D., Schild, C., Giannitti, F., Fraga, M., & Zunino, P. (2021). Virulence genes of *Escherichia coli* in diarrheic and healthy calves. *Revista Argentina de Microbiología*, 53(1), 34–38. <https://doi.org/10.1016/j.ram.2020.04.004>
- Varga, C., Brash, M. L., Slavic, D., Boerlin, P., Ouckama, R., Weis, A., Petrik, M., Philippe, C., Barham, M., & Guerin, M. T. (2018). Evaluating Virulence-Associated Genes and Antimicrobial Resistance of Avian Pathogenic *Escherichia coli* Isolates from Broiler and Broiler Breeder Chickens in Ontario, Canada. *Avian Diseases*, 62(3), 291–299. <https://doi.org/10.1637/11834-032818-Reg.1>
- Vidal, R. M., Chamorro, N. L., & Girón, J. A. (2016). Animal Enterotoxigenic *Escherichia coli*. In M. S. Donnenberg (Ed.), *Escherichia Coli* in the Americas (Vol. 7, Issue 1, pp. 1–26). ASM Press Washington, DC. https://doi.org/10.1007/978-3-319-45092-6_1
- Wu, B., Duan, H., Qi, Q., Cai, Y., Zhong, Z., & Chai, T. (2018). Identifying virulence factor genes in *E. coli* in animal houses and their transmission to outside environments. *Journal of Aerosol Science*, 117, 189–199. <https://doi.org/10.1016/j.jaerosci.2017.11.009>
- Yin, L., Li, Q., Wang, Z., Shen, X., Tu, J., Shao, Y., ... & Pan, X. (2021). The *Escherichia coli* type III secretion system 2 Is involved in the biofilm formation and virulence of avian Pathogenic *Escherichia coli*. *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases*, 79, 101722. <https://doi.org/10.1016/j.cimid.2021.101722>
- Zhang, D., Zhang, Z., Huang, C., Gao, X., Wang, Z., Liu, Y., Tian, C., Hong, W., Niu, S., & Liu, M. (2018). The phylogenetic group, antimicrobial susceptibility, and

- virulence genes of *Escherichia coli* from clinical bovine mastitis. *Journal of Dairy Science*, 101(1), 572–580. <https://doi.org/10.3168/jds.2017-13159>
- Zhang, S., Chen, S., Rehman, M. U., Yang, H., Yang, Z., Wang, M., Jia, R., Chen, S., Liu, M., Zhu, D., Zhao, X., Wu, Y., Yang, Q., Huan, J., Ou, X., Mao, S., Gao, Q., Sun, D., Tian, B., & Cheng, A. (2021). Distribution and association of antimicrobial resistance and virulence traits in *Escherichia coli* isolates from healthy waterfowls in Hainan, China. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 220, 112317. <https://doi.org/10.1016/J.ECOENV.2021.112317>
- Zotta, C. M., Lavayén, S., Nario, F., & Piquín, A. (2016). Detección de *Escherichia coli* productor de toxina Shiga en vísceras e animales bovinos y pollos destinadas para el consumo humano. *Journal of the Selva Andina Research Society*, 7(1), 2–9. <https://doi.org/10.36610/j.jsars.2016.070100002>
- Zhuge, X., Jiang, M., Tang, F., Sun, Y., Ji, Y., Xue, F., ... & Dai, J. (2019). Avian-source mcr-1-positive *Escherichia coli* is phylogenetically diverse and shares virulence characteristics with *E. coli* causing human extra-intestinal infections. *Veterinary microbiology*, 239, 108483. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2019.108483>