



ARTIGO ORIGINAL

Escherichia coli nas infeções urinárias da comunidade: comensal ou patogénica?



Ana Eusébio^a, Catarina Araújo^a, Madalena Andrade^a e Aida Duarte^{a,b,*}

^a Laboratório de Microbiologia, Faculdade de Farmácia, Universidade de Lisboa, Lisboa, Portugal

^b iMed.UL, Research Institute for Medicines and Pharmaceutical Sciences, Lisboa, Portugal

Recebido a 11 de março de 2015; aceite a 15 de fevereiro de 2016

Disponível na Internet a 20 de março de 2016

PALAVRAS-CHAVE

Escherichia coli;
Cistites;
Comensal;
Patogénica;
Virulência

Resumo

Objetivo: Estudar a patogenicidade de isolados de *Escherichia coli* (*E. coli*) nas infeções urinárias e sua relação com o hospedeiro, tendo em conta a associação de bacteriúria por *E. coli* a critérios definidos de patogenicidade ou a condições específicas inerentes ao hospedeiro, em mulheres com idades até 59 anos.

Materiais e métodos: Foram estudadas 228 estirpes de *E. coli*, isoladas de urinas de mulheres com idade ≤ 59 anos, provenientes de vários laboratórios portugueses de prestação de serviços à comunidade. A pesquisa dos genes de virulência *fimH*, *papC*, *ecpA*, *usp*, *hlyA* e *cnf1*, das ilhas de patogenicidade (PAI) I_{CTF073} e PAI II_{CTF073}, e a determinação do grupo filogenético foi efetuada pela técnica de PCR.

Resultados: Os genes mais frequentemente isolados foram o *ecpA*, seguido de *fimH*, e os grupos filogenéticos mais prevalentes o B2 e D patogénicos, tanto em cITU como em ncITU.

Tanto nos isolados comensais como os patogénicos apresentaram os genes *fimH*, *papC* e *ecpA* de aderência e colonização; contudo, os genes *usp*, *hlyA* e *cnf1*, associados a processos invasivos, assim como as PAI I_{CTF073} e PAI II_{CTF073} encontraram-se predominantemente nos isolados dos grupos patogénicos.

Conclusão: Os fatores de virulência estudados não ficaram restritos às estirpes patogénicas, tanto em ncITU como em cITU. Os fatores de risco do hospedeiro que propiciam o estabelecimento de cistites como a gravidez, recorrência e diabetes, estão associados à patogenicidade das bactérias.

© 2016 Associação Portuguesa de Urologia. Publicado por Elsevier España, S.L.U. Este é um artigo Open Access sob uma licença CC BY-NC-ND (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/>).

* Autor para correspondência.

Correio eletrónico: aduarte@ff.ul.pt (A. Duarte).

KEYWORDS

Escherichia coli;
Cystitis;
Commensal;
Pathogenic;
Virulence

Escherichia coli* in community urinary tract infections: commensal or pathogenic?*Abstract**

Objective: To study *Escherichia coli* pathogenicity in urinary tract infections and their relationship with the host. Association of bacteriuria by *E. coli* with defined pathogenicity criteria or host specific conditions, in women aged up to 59 years.

Materials and methods: Overall 228 *Escherichia coli* strains were studied. These were isolated from urine of women with age ≤ 59 provided by various Portuguese laboratories in the community. The study of the virulence genes *fimH*, *papC*, *ecpA*, *usp*, *hlyA* and *cnf1*, pathogenicity islands (PAI) I_{CFT073} and PAI II_{CFT073}, and phylogenetic group determination was performed by PCR.

Results: The most frequently isolated genes were *ecpA*, followed by *fimH* and the most prevalent phylogenetic groups were pathogenics B2 and D, both in cITU and nclTU.

Both commensal and pathogenic isolates showed presence of *fimH*, *papC* and *ecpA* genes with functions in adhesion and colonization, while *usp*, *hlyA* and *cnf1* usually associated with invasive strains and PAI I_{CFT073} and PAI II_{CFT073} were found predominantly in pathogenic group strains.

Conclusion: Studied virulence factors were not restricted to pathogenic strains, both in nclTU and cITU. The host risk factors which propitiate cystitis such as pregnancy, recurrence and diabetes, are associated with bacterial pathogenicity.

© 2016 Associação Portuguesa de Urologia. Published by Elsevier España, S.L.U. This is an open access article under the CC BY-NC-ND license (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/>).

Introdução

A *Escherichia coli* (*E. coli*) é o agente etiológico mais frequentemente isolado nas infeções do trato urinário (ITU), sendo também predominante na flora intestinal humana¹. Os fatores que predisõem à infeção urinária podem ser inerentes ao hospedeiro ou específicos do microrganismo. A cistite ou infeção urinária baixa pode caracterizar-se como complicada ou não complicada, consoante o hospedeiro apresente ou não fatores de risco, tais como internamento recente em hospital, patologias obstrutivas ou uso de cateter urinário²⁻⁶. A *E. coli* uropatogénica (UPEC) expressa fatores de virulência tais como adesinas, toxinas, sideróforos e proteínas de superfície responsáveis pela colonização, invasão e persistência no trato urinário¹. Entre as adesinas mais frequentemente associadas à UPEC estão as fimbrias do tipo 1 e as fimbrias do tipo P ou *Pyelonephritis associated pili* (Pap)^{7,8}. A adesina FimH, representativa das fimbrias do tipo 1, liga-se especificamente à uroplaquina Ia, uma glicoproteína expressa pelas células vesicais tida como importante na formação de biofilme^{9,10}. As Pap estão associadas a pielonefrite aguda não complicada¹¹, encontrando-se o recetor específico disseminado nas membranas celulares das células renais⁴, sendo essenciais para a colonização do trato urinário alto¹. Outras adesinas têm sido descritas em estirpes de *E. coli* enteropatogénicas e comensais, tal como a denominada de *E. coli common pilus* ou ECP, codificada pelo gene *ecpA*, responsável pela colonização, disseminação e infeção do trato gastrointestinal^{12,13}, como também pela formação de biofilmes em superfícies bióticas e abióticas.

Entre as proteínas excretadas pelas estirpes UPEC, a proteína *uropathogenic-specific protein* (USP), codificada pelo gene *usp*, foi descrita recentemente como prevalente

nas estirpes urinárias relativamente às estirpes fecais^{1,14-16}. Outra proteína importante, a citotoxina ou factor necrosante citotóxico CNF1 (*cytotoxic necrotizing factor 1*), tem a capacidade de induzir apoptose nas células epiteliais da bexiga, estimulando a sua exfoliação e consequente invasão do epitélio. Esta intervém também na inibição da atividade fagocítica e quimiotática dos neutrófilos¹⁷. Ainda relativamente às citotoxinas destaca-se a α -hemolisina, codificada pelo gene *hly*, que promove a formação de poros com a consequente lise celular, facilitando a obtenção de nutrientes e a captação de ferro iónico, necessários ao metabolismo bacteriano¹⁷.

Os genes que codificam estes fatores de virulência podem estar localizados no cromossoma ou em plasmídeos, e podem também estar associados a elementos genéticos móveis como as ilhas de patogenicidade (PAI). Estes elementos caracterizam-se por terem tamanho superior a 10 kilobases, o que lhes permite ter em associação genes codificadores de adesinas, toxinas, sideróforos, cápsulas e serem facilmente transferidos entre espécies bacterianas¹⁸⁻²⁰. Das 8 ilhas de patogenicidade já conhecidas em *E. coli* destacam-se a PAI I_{CFT073} e a PAI II_{CFT073}; a primeira possui um grupo de genes que codificam para a α -hemolisina e a Pap, enquanto a segunda transporta apenas genes codificadores da Pap¹⁸.

A fronteira entre comensalismo e patogenicidade tem suscitado aos investigadores o desenvolvimento de metodologias que permitam esclarecer se uma estirpe de *E. coli* considerada comensal pode ser patogénica e vice-versa, e quais as características que as diferenciam. Clermont et al.²¹ desenvolveram um algoritmo baseado na deteção de 3 genes conservados, o que permite agrupar as estirpes de *E. coli* em 4 grupos filogenéticos – A, B1, B2, D – sendo que as estirpes extraintestinais patogénicas pertencem

Download English Version:

<https://daneshyari.com/en/article/4267431>

Download Persian Version:

<https://daneshyari.com/article/4267431>

[Daneshyari.com](https://daneshyari.com)