

Revisión sistemática

Factores de virulencia en *Escherichia coli* aislada de ambientes de producción animal

Virulence factors in Escherichia coli isolated from animal production environments

Fatores de virulência em Escherichia coli isolados de ambientes de produção animal

Sebastián Alejandro Sáenz Rojas ¹ ✉ [ORCID](#), María Inés Torres Caycedo ² ✉ Bac. MsC. [ORCID](#), Diana Paola López Velandia ^{2*} ✉ Bac. MsC. [ORCID](#)

* Autor para correspondencia.

¹ Universidad de Boyacá. Semillero de Investigación de Resistencia Antimicrobiana (SIRA), Tunja-Boyacá, Colombia.

² Ciencias biológicas. Universidad de Boyacá, Facultad de ciencias de la salud, Tunja-Boyacá, Colombia.

Fecha correspondencia:

Recibido: diciembre 12 de 2022.

Aceptado: diciembre 29 de 2022.

Forma de citar:

Sáenz Rojas AS, Torres Caycedo MI, López Velandia DP. Factores de virulencia en *Escherichia coli* aislada de ambientes de producción animal. CES Med. Zootec. 2022; 17(3): 65-79. <https://dx.doi.org/10.21615/cesmvz.7141>

Open access

© Derecho de autor

Licencia creative commons

Ética de publicaciones

Revisión por pares

Gestión por Open Journal System

DOI: 10.21615/cesmvz.7141

ISSN: 1900-9607

Publica con nosotros

Resumen

Los ambientes de producción animal presentan factores que afectan directa o indirectamente las condiciones de vida, nutrición, reproducción o el crecimiento de diferentes especies animales, así como propicia el desarrollo bacteriano dando lugar a infecciones por microorganismos de importancia mundial en salud pública, como lo es *Escherichia coli* bacteria con potencial de virulencia y resistencia que conllevan al difícil control y tratamiento en producción, y a la circulación de cepas entre especies animales y el hombre. El objetivo de la revisión fue describir genes de virulencia y su patogenicidad expresados por *Escherichia coli*, que circulan con mayor prevalencia en los ambientes de producción en diferentes especies animales. Se realizó una revisión sistemática de la literatura en las bases de datos Medline, Lilacs, ScienceDirect, PubMed, Acopas, SciELO y Dialnet, se realizó una búsqueda utilizando una combinación de palabras claves validadas en español e inglés (*gen, Escherichia coli, food chain, animal production, virulence, poultry, pathogenicity, cattle diseases, microbial drug resistance*). Se identificó que las variaciones de *Escherichia coli* (serotipos) presentan mecanismos

de virulencia relacionados con la generación de patologías graves en animales jóvenes como la producción de colibacilosis con altos potenciales en la producción de toxinas, adhesinas y citotoxinas encargadas del daño celular, muerte y pérdidas económicas a los productos; debido a ello las medidas preventivas toman un papel fundamental en el cuidado de los animales para la generación de productos con calidad e inocuidad.

Palabras clave: *genes; Escherichia coli; producción animal; virulencia; patogenicidad.*

Abstract

Animal production environments present factors that directly or indirectly affect living conditions, nutrition, reproduction and/or growth of different animal species, as well as propitiate bacterial development leading to infections by microorganisms of worldwide importance in public health, such as *Escherichia coli* bacteria with virulence and resistance potential that lead to difficult control and treatment in production, and to the circulation of strains among animal species and humans. The objective of the review was to describe virulence genes and their pathogenicity expressed by *Escherichia coli*, which circulate with greater prevalence in production environments in different animal species. A systematic review of the literature was carried out in the databases Medline, Lilacs, ScienceDirect, PubMed, Acopas, SciELO and Dialnet, using a combination of validated keywords in Spanish and English (gene, *Escherichia coli*, food chain, animal production, virulence, poululence, pathogenicity, cattle diseases, microbial drug resistance). It was identified that *Escherichia coli* variations (serotypes) present virulence mechanisms related to the generation of serious pathologies in young animals such as the production of colibacillosis with high potentials in the production of toxins, adhesins and cytotoxins responsible for cell damage, death, and economic losses to the products; due to this, preventive measures take a fundamental role in the care of animals for the generation of products with quality and safety.

Keywords: *genes; Escherichia coli; animal production; virulence; pathogenicity.*

Resumo

Os ambientes de produção animal apresentam factores que afectam directa ou indirectamente as condições de vida, nutrição, reprodução ou crescimento de diferentes espécies animais, bem como favorecem o desenvolvimento bacteriano dando origem a infecções por microorganismos de importância global na saúde pública, tais como as bactérias *Escherichia coli* com virulência e potencial de resistência que levam a um difícil controlo e tratamento na produção, e à circulação de estirpes entre espécies animais e humanos. O objectivo da revisão era descrever os genes de virulência e a sua patogenicidade expressa pela *Escherichia coli*, que são mais prevalentes em ambientes de produção de diferentes espécies animais. Foi efectuada uma revisão sistemática da literatura nas bases de dados Medline, Lilacs, ScienceDirect, PubMed, Acopas, SciELO e Dialnet, utilizando uma combinação de palavras-chave validadas em espanhol e inglês (gene, *Escherichia coli*, cadeia alimentar, produção

animal, virulência, aves de capoeira, patogenicidade, doenças do gado, resistência aos medicamentos microbianos). Foi identificado que as variações da *Escherichia coli* (serotipos) apresentam mecanismos de virulência relacionados com a geração de patologias graves em animais jovens, tais como a produção de colibacilose com elevado potencial na produção de toxinas, aderências e citotoxinas responsáveis por danos celulares, morte e perdas económicas para os produtos; devido a isto, as medidas preventivas assumem um papel fundamental no cuidado dos animais para a geração de produtos com qualidade e segurança.

Palavras-chave: genes; *Escherichia coli*; produção animal; virulência; patogenicidade.

Introducción

En los ambientes de producción animal existe una gran variedad de factores asociados con la presencia o ausencia de grupos bacterianos y su probabilidad de expresión de patogenicidad por medio de mecanismos de daño, donde se incluye condiciones del ambiente natural teniendo en cuenta las modificaciones o adaptaciones introducidas a la naturaleza ⁽¹⁶⁾. La práctica de producción, la nutrición, el bienestar animal, el uso de medicamentos, y el manejo de enfermedades infecciosas y su vigilancia pueden restringir los procesos biológicos de comunidades bacterianas, debido a su combinación, surgirían patógenos específicos como *Escherichia coli* (*E. coli*) que expresan factores de virulencia los cuales podrían afectar directamente al animal y su producción ^(13, 34).

El rendimiento ganadero se ve afectado directa e indirectamente por diferentes condiciones ambientales como por ejemplo la temperatura, humedad del aire, la radiación solar, el movimiento del aire, la presión y la precipitación afectando los niveles de nutrientes al cambiar la cantidad y calidad de estos, como los cultivos de pastos u otros alimentos que son los principales componentes de la dieta diaria animal en cualquier estado de vida ^(47, 39).

Entre las bacterias pertenecientes a la familia de las enterobacterias *E. coli*, bacteria no formadora de esporas, Gram negativa y móvil por flagelos peritricos, es un microorganismo que coloniza el tracto gastrointestinal en animales lo cual permite su diseminación por medio de las heces y alimentos contaminados ^(28, 31). Actualmente se considera diferentes consecuencias en la salud, producción y economía animal, debido al manejo inadecuado de los animales en la industria ganadera, porcina o avícola, ya que potencia la circulación de bacterias resistentes con altos porcentajes de virulencia, derivado del mal uso de antibióticos como factores de crecimiento o en prácticas de engorde ^(7, 30).

El control en el tratamiento aplicado en animales con alguna patología se convierte en un punto fundamental para evitar posibles brotes de bacterias resistentes y virulentas mediados por el proceso biológico de la transferencia horizontal de genes y, que actualmente son prevalentes en la industria animal, lo cual conlleva a la generación de infecciones de mayor gravedad y con un nivel menor de eficacia en respuesta a la terapia antibiótica ^(1, 12). Teniendo en cuenta lo

anterior el objetivo de la revisión de la literatura es describir genes de virulencia y su patogenicidad expresados por *E. coli* y que circulan en los ambientes de producción en diferentes especies animales.

Materiales y métodos

Se realizó una revisión de la literatura en bases de datos disponibles ScienceDirect, Lilacs, Scopus, Pubmed, Proquest, Redalycs, Cochrane, Scielo, utilizando las combinaciones de las palabras claves, con uso conectores booleanos Y-AND, O-OR, ON, NOT. Se incluyeron publicaciones en un periodo de 5 años (2016-2021), correspondientes a artículos de investigación original o de revisión, disponibles en inglés o español, se integró a los resultados descriptivos la información obtenida (50 artículos) dado el aporte y la relevancia de la información contextualizando la respuesta al objetivo planteado.

Se cuantificaron las publicaciones determinando el dato de n inicial y posterior al tamizaje se registró el n final de acuerdo las combinaciones de búsqueda y los criterios. Realizado el resumen analítico de cada referente, se identificó la calidad global, el soporte bibliográfico y los datos registrados. Se estructuró la matriz de estudios y autores, se compilaron los resultados analizando su aporte a la descripción de los genes de virulencia y patogenicidad expresados por *Escherichia coli*, circulantes en los ambientes de producción en diferentes especies animales. En el Diagrama de flujo PRISMA se identifica la dinámica de tamizaje y selección de la evidencia publicada relaciona al tema objeto del estudio (Figura 1).

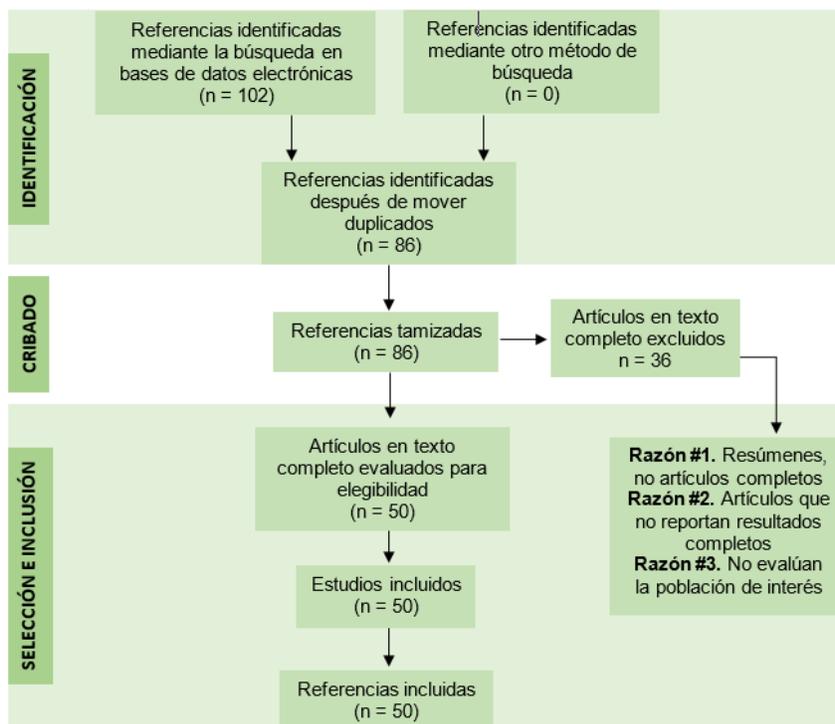


Figura 1. Diagrama de flujo Prisma.

Resultados y discusión

Factores de virulencia de *E. coli* y su influencia en los ambientes de producción animal

E. coli se puede clasificar en función de los serogrupos, los síntomas clínicos, los mecanismos de virulencia, la interacción con la mucosa intestinal y los factores internos o externos de cada especie animal que se encargan de dar las características patológicas asociadas a este microorganismo^(33, 35). Estos mecanismos de virulencia trabajan en conjunto e individualmente para generar daño celular una vez el microorganismo coloniza el organismo produciendo sintomatología específica y la expresión de la enfermedad o infección^(8, 48).

Teniendo en cuenta las propiedades de cada serogrupo encontramos: *E. coli* entero patógena (EPEC) se considera el serotipo más asociado a la producción de diarrea en lechones, infecciones respiratorias en aves y mastitis en los bovinos^(41, 46). *E. coli* enteroinvasiva (EIEC) es de relevante en lactantes jóvenes y su manifestación general es diarrea y en ocasiones acompañada de sangre y moco. *E. coli* enterotoxigénica (ETEC) frecuentemente causa colibacilosis en el sector avícola mientras que en los humanos es el principal agente causal de la diarrea acuosa del viajero^(18, 38). *E. coli* enteroagregativa (EAEC) que causa diarrea con presencia de moco y *E. coli* enterohemorrágica (EHEC), causa dolor abdominal, diarrea sanguinolenta y fiebre⁽³⁶⁾.

De igual manera existe un serotipo de importancia y es la *E. coli* productora de la 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 y colibacilosis aviar en el mayor de los casos producidos por agentes bacterianos^(2, 26).

En los ambientes de producción son múltiples los factores que se identifican y que están relacionados con la presencia de grupos bacterianos y la posibilidad de expresión de su virulencia, entre estos se tienen las condiciones ambientales naturales, modificaciones o adaptaciones introducidas en el medio ambiente, prácticas de producción que involucran la nutrición, bienestar animal, uso de medicamentos, manejo y seguimiento de brotes infecciosos, genética animal, entre otros^(9, 37, 40). Estos factores condicionan los procesos biológicos de las comunidades bacterianas presentes y como resultado de su combinación se evidenciará de manera emergente la presencia de patógenos específicos como la *E. coli* que expresa los factores de virulencia, afectando potencialmente la producción^(29, 43).

En la producción animal, los factores de virulencia involucrados en patologías 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^(11, 32).

La contaminación microbiológica del medio ambiente por agentes patógenos como virus, bacterias, hongos y parásitos puede ocasionar reducción de la fertilidad, producción y prolificidad a través de procesos infecciosos como endometritis, mortalidad embrionaria, infecciones intestinales o enfermedades sistémicas donde intervienen los mecanismos de virulencia para ocasionar patologías de gravedad y tratamientos exigentes ^(5, 23). Así mismo, los aspectos nutricionales, sanitarios y de vivienda son considerados componentes esenciales que intervienen el bienestar animal, incluyendo condiciones meteorológicas como el movimiento del aire, temperatura, precipitación, humedad y radiación solar que en cierto grado actúan en la proliferación bacteriana junto con el porcentaje de nutrientes y condiciones inmunes del animal ^(4, 6).

Entorno genético de los factores de virulencia en *E. coli*, aislada de ambientes de producción

El desarrollo de diferentes técnicas moleculares ha permitido la secuenciación e identificación de genomas para el análisis del contenido de los genes y su expresión en diferentes organismos como las bacterias, en relación con los factores de virulencia toma importancia en el sentido de conocer los diferentes mecanismos de sobrevivencia celular que la hace más patógena y de difícil tratamiento ^(3, 45).

Diferentes estudios dan a conocer la distribución de genes de virulencia de *E. coli* aislada de animales de producción y sus derivados alimenticios (Tabla 1) ⁽²⁸⁾. 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, mastitis, colibacilosis, infecciones pulmonares y muerte de animales jóvenes ^(10, 17).

Patogenicidad de *E. coli* circulante en animales de ambientes de producción

En el tracto gastrointestinal de diferentes animales se encuentra *E. coli* como habitante normal y colonizador de esta zona durante los primeros días de vida para posteriormente mantenerse en la flora intestinal. Existen diferentes factores que contribuyen a la generación de patologías como animales inmunodeprimidos, malas condiciones de vida y alimentación ^(20, 25).

Patogenicidad de *E. coli* en bovinos

La mastitis bovina y la colibacilosis son las patologías con mayor prevalencia en esta especie animal identificando dos serotipos de importancia que son ETEC y EPEC con diferentes mecanismos de virulencia (Tabla 2) identificados en esta especie bacteriana como la adhesión, producción de toxinas e invasión celular lo cual garantiza la multiplicación del microorganismo ^(2, 19).

Tabla 1. Principales genes y factores de virulencia en *E. coli* aislada de animales de producción.

Factor de virulencia	Genes involucrados en su expresión
Fimbrias y pilis	<i>lpfA, sfaD-E, f17G(I), F41, bfpA, daaC</i>
Supervivencia sérica	<i>lss</i>
Producción de toxinas	<i>stx1, stx2, STa, STb, eLTa, toxB, astA, vat, ctdB, uidA</i>
Producción de adhesinas	<i>Saa, papC, ipaH, aggA</i>
Producción de intimina	<i>eae, eaeA</i>
Producción de hemaglutinina	<i>Tsh</i>
Producción de enterohemolisina	<i>hlyA, ehxA</i>
Sistemas de adquisición de hierro	<i>iroN, fyuA</i>
Producción y receptores de sideroforos	<i>iutA, ireA, fimC</i>
Invasión celular	<i>papEF, ibeA, gimB, ibeA, invE</i>
propiedades antifagocitarias e inhibidoras de las sustancias bactericidas	Antígeno O y K

Fuente: compilación de los autores (1, 3, 6, 12, 14, 17, 18, 27, 29, 35, 45, 49, 50).

Por otro lado, la colibacilosis se presenta en todas las razas de bovinos incluyendo lecheros o productores de carne y que teniendo en cuenta sus manifestaciones clínicas se clasifican en tres grupos, colisepticemia, enterotoxemia y colibacilosis entérica caracterizados por producción de fiebre, debilidad, colapso, síndrome diarreico y muerte súbita de becerros^(22, 42).

Tabla 2. Principales factores de virulencia asociados a patologías en bovinos.

Factor de virulencia	Genes involucrados en su expresión
Producción de adhesinas	<i>papC</i>
Producción de intimina	<i>Eae</i>
Supervivencia sérica	<i>lss</i>
Producción de toxinas	<i>stx1</i> y <i>stx2</i>
Invasión celular	<i>lbeA</i> y <i>invE</i>
Propiedades antifagocitarias e inhibidoras de las sustancias bactericidas	Antígeno K serotipos K80 y K79

Fuente: compilación de los autores (1, 2, 3, 5, 6, 10, 12, 14, 17, 18, 19, 27, 30, 35, 45).

Actualmente se debe tener en cuenta diferentes factores que están relacionados estrictamente con el origen de enfermedades como el nivel de cuidado de los animales, condiciones de higiene, nutrición, vivienda, y ambientes externos que pueden alterar el bienestar animal; lo que conlleva a la generación de infecciones de difícil tratamiento y la propagación de cepas altamente virulentas^(14, 49).

Patogenicidad de *E. coli* en aves de corral

Las aves de corral son las usadas para la producción incluyendo, pollos de engorde, gallinas, pavos o patos utilizados para la venta y expendio de carne o huevos. *E. coli* patógena aviar (APEC) se caracteriza por presentar diferentes factores de virulencia (Tabla 3) que en conjunto conllevan a ser un microorganismo que tiene alta prevalencia a mundial por producción de patologías de interés como infecciones respiratorias, entéricas, septicemias, colibacilosis, o meningitis que se ven reflejados en muerte y pérdidas económicas al productor ganadero ^(21, 32).

Tabla 3. Principales factores de virulencia asociados a patologías en aves de corral.

Factor de virulencia	Genes involucrados en su expresión
Producción de adhesinas	<i>Bpf</i>
Producción de hemolisina	<i>Tsh</i>
Producción de hierro	<i>iroN</i>
Producción de toxinas	<i>stx1, stx2 y vat</i>
Invasión celular	<i>lbeA y invE</i>
Propiedades antifagocitarias e inhibidoras de las sustancias bactericidas	Antígeno K serotipos K80 y K79

Fuente: compilación de los autores ^(5, 8, 10, 11, 15, 21, 23, 24, 42, 46).

Patogenicidad de *E. coli* en porcinos, ovinos y caprinos

La colibacilosis es una patología que presenta en diferentes especies animales incluyendo porcinos, ovinos y caprinos la cual tiene variaciones según sus manifestaciones clínicas ⁽⁴⁴⁾.

En el caso de los cerdos se divide en 4 clasificaciones: diarrea del recién nacido, diarrea a las 3 semanas de edad, diarrea al destete y enfermedad edematosa producida principalmente por EPEC, ETEC y EIEC con factores de virulencia involucrados en el daño de las células entéricas (Tabla 4) ^(15, 24). Por otro lado, los ovinos y caprinos se encuentran relacionados con la colibacilosis septicémica considerándose como una patología importante en la mortalidad de corderos de 1 a 8 semanas de edad de igual manera se caracteriza por la poca o no producción de diarrea identificando serotipos como EIEC y EAEC ^(27, 50).

Tabla 4. Principales factores de virulencia asociados a patologías en cerdos.

Factor de virulencia	Genes involucrados en su expresión
Producción de adhesinas	<i>Bpf, papC, y ipaH</i>
Producción hemaglutinina	<i>Tsh</i>
Producción de toxinas	<i>eltA, sta, stb, stx y ctdB</i>
Invasión celular	<i>lbeA y invE</i>
Producción de enterohemolisina	<i>hlyA y ehxA</i>

Fuente: compilación de los autores ^(13, 14, 18, 19, 25, 30).

Conclusiones

En los ambientes de producción, la presencia de mecanismos de virulencia varía 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 en *E. coli* identificadas en aves de corral, bovinos, porcinos, caprinos y ovinos respectivamente.

Las diferentes patologías animales causadas por *E. coli* se desencadenan por la presencia de diferentes factores, ya sean ambientales o nutricionales, los cuales generan infecciones de mayor prevalencia como la mastitis bovina, colibacilosis e infecciones intestinales que ponen en riesgo la salud y el bienestar animal; por ello es importante tener en cuenta las medidas preventivas para evitar pérdidas monetarias y de tiempo.

La vigilancia de la circulación de los factores de virulencia y control microbiológico centrado en los patógenos que tienen impacto en cadenas productivas y que se relacionan con salud humana son de gran importancia para evitar posibles brotes, mitigar el impacto de pérdidas y riesgo de transmisión al humano de enfermedades en población susceptible, por efecto de la expresión de estos factores en las bacterias de circulación frecuente.

Referencias

1. Akomoneh EA, Esemu SN, Kfusi AJ, Ndip RN, Ndip LM. Prevalence and virulence gene profiles of *Escherichia coli* O157 from cattle slaughtered in Buea, Cameroon. PLoS One [Internet]. 2020 [citado Marzo 4]; 15 (12): e0235583. Disponible en: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0235583>
2. Alfaro M, Rivas M, Silva R, Gómez E. Presencia de *Escherichia coli* en el contenido prepucial de verracos en una unidad de producción y su influencia a problemas de fertilidad y prolificidad. Cienc UNEMI [Internet]. 2019 [citado 10 Feb 2022]; 12 (31): 95–101. Disponible en: <https://www.redalyc.org/journal/5826/582661248010/582661248010.pdf>
3. Aslam N, Khan SUH, Usman T, Ali T. Phylogenetic genotyping, virulence genes and antimicrobial susceptibility of *Escherichia coli* isolates from cases of bovine mastitis. J Dairy Res. 2021; 88 (1): 78–9. Doi: <https://doi.org/10.1017/s002202992100011x>
4. Ávila Torres YY, Cáceres Rojas MF, Aguilera Becerra AM. Infecciones asociadas a dispositivos, perfil microbiológico y resistencia bacteriana en unidades de cuidados intensivos de Casanare - Colombia. Rev Investig en Salud Univ Boyacá [Internet]. 2021 [citado 10 Ene 2022]; 8 (2): 56-77. Disponible en: <https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=8367368>

5. Azam M, Mohsin M, Sajjad-ur-Rahman, Saleemi MK. Virulence-associated genes and antimicrobial resistance among avian pathogenic *Escherichia coli* from colibacillosis affected broilers in Pakistan. Trop Anim Health Prod. 2019; 51 (5): 1259–65. Doi: <https://doi.org/10.1007/s11250-019-01823-3>
6. Bag M, Khan R, Sami H, Begum F, Islam MS, Rahman MM. Virulence determinants and antimicrobial resistance of *E. coli* isolated from bovine clinical mastitis in some selected dairy farms of Bangladesh. Saudi J Biol Sci. 2021 Jul 6; 28 (11): 6317–23. Doi: <https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2021.06.099>
7. Bolukaoto JY, Kock MM, Strydom KA, Mbelle NM, Ehlers MM. Molecular characteristics and genotypic diversity of enterohaemorrhagic *Escherichia coli* O157:H7 isolates in Gauteng region, South Africa. Sci Total Environ. 2019; 20 (692): 297–304. Doi: <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2019.07.119>
8. Carranza C, León R, Falcón N, Neumann A, Kromm C. Characterization and distribution of potentially avian pathogenic *Escherichia coli* isolates from broilers in Peru. Rev Investig Vet del Peru [Internet]. 2017 [citado 24 Abr 2022]; 23 (2): 209-19. Disponible en: <http://dev.scielo.org.pe/pdf/rivep/v23n2/a11v23n2.pdf>
9. Cárdenas M, Gándara J, Pérez M. Factores de virulencia bacteriana: la “inteligencia” de las bacterias. Elementos [Internet]. 2017 [citado 20 Feb 2022]; 94 (17): 35-43. Disponible en: <https://elementos.buap.mx/directus/storage/uploads/00000001145.pdf>
10. Chalmers G, Cormier AC, Nadeau M, Côté G, Reid-Smith RJ, Boerlin P. Determinants of virulence and of resistance to ceftiofur, gentamicin, and spectinomycin in clinical *Escherichia coli* from broiler chickens in Québec, Canada. Vet Microbiol. 2017 May 1; 203 (1): 149–57. Doi: <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2017.02.005>
11. Chen X, Liu W, Li H, Yan S, Jiang F, Cai W, et al. Whole genome sequencing analysis of avian pathogenic *Escherichia coli* from China. Vet Microbiol. 2021 1; 259 (1): 109158. Doi: <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2021.109158>
12. Cruz AS, Toro V, Munguía CO, Torres JE, Flores LE, Loeza PD. Relación genética, formación de biopelículas, movilidad y virulencia de *Escherichia coli* aislada de mastitis bovina. Rev Mex Ciencias Pecu. 2020; 11 (1): 167–82. Doi: <http://dx.doi.org/10.22319/rmcp.v11i1.4998>

13. Farfán AE, Ariza SC, Vargas FA, Vargas LV. Virulence mechanisms of enteropathogenic *Escherichia coli*. Rev Chil Infectol [Internet] 2017 [citado 26 Feb 2022]; 33 (4): 438–50. Disponible en: https://www.scielo.cl/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0716-10182016000400009&lng=en&nrm=iso&tlng=en
14. Fayemi OE, Akanni GB, Elegbeleye JA, Aboaba OO, Njage PM. 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. Int J Food Microbiol. 2021 Jun 2; 347 (1): 109191. Doi: <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2021.109191>
15. Ferreira JC, Penha Filho RAC, Kuaye APY, Andrade LN, Chang YF, Darini ALC. Virulence potential of commensal multidrug resistant *Escherichia coli* isolated from poultry in Brazil. Infect Genet Evol. 2018; 65 (1): 251–6. Doi: <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2018.07.037>
16. García Cando, S. Influencia de la dieta y el ambiente en la selección de linajes de *Escherichia coli* comensal en el intestino de pollos de engorde [Tesis]. Quito, Universidad San Francisco de Quito; 2020. Disponible en: <https://repositorio.usfq.edu.ec/bitstream/23000/8770/1/146096.PDF>
17. Gazal LES, Puno-Sarmiento JJ, Medeiros LP, Cyoia PS, Da Silveira WD, Kobayashi RKT, et al. Presence of pathogenicity islands and virulence genes of extraintestinal pathogenic *Escherichia coli* (ExPEC) in isolates from avian organic fertilizer. Poult Sci. 2017 Dec 1; 94 (12): 3025–33. Doi: <https://doi.org/10.3382/ps/pev278>
18. Guerra ST, Orsi H, Joaquim SF, Guimarães FF, Lopes BC, Dalanezi FM, et al. Short communication: Investigation of extra-intestinal pathogenic *Escherichia coli* virulence genes, bacterial motility, and multidrug resistance pattern of strains isolated from dairy cows with different severity scores of clinical mastitis. J Dairy Sci. 2020; 103 (4): 3606–14. Doi: <https://doi.org/10.3168/jds.2019-17477>
19. Gwida M, Awad A, El-Ashker M, Hotzel H, Monecke S, Ehricht R, et al. Microarray-based detection of resistance and virulence factors in commensal *Escherichia coli* from livestock and farmers in Egypt. Vet Microbiol. 2020 Jan 1; 240 (19): 108539. Doi: <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2019.108539>
20. Herrera Arias F, Santos Buelga J, Villamizar Gallardo R. 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. 2019; 69 (1): 59–67. Doi: <https://doi.org/10.37527/2019.69.1.008>

21. Hernandez LB, Cadona JS, Christensen M, Fernández D, Padola NL, Bustamante AV, et al. Virulence genes and genetic diversity assessment of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* O91 strains from cattle, beef and poultry products. *Microb Pathog.* 2018 Dec 1; 125 (4): 463–7. Doi: <https://doi.org/10.1016/j.micpath.2018.10.009>
22. Ibrahim RA, Cryer TL, Lafi SQ, Basha EA, Good L, Tarazi YH. Identification of *Escherichia coli* from broiler chickens in Jordan, their antimicrobial resistance, gene characterization and the associated risk factors. *BMC Vet Res.* 2019; 15 (1): 15-159. Doi: <https://doi.org/10.1186/s12917-019-1901-1>
23. Kaushik P, Anjay, Kumari S, Dayal S, Kumar S. Antimicrobial resistance and molecular characterisation of *E. coli* from poultry in eastern India. *Vet Ital.* 2018; 54 (3): 197–204. Doi: <https://doi.org/10.12834/vetit.330.1382.2>
24. Koga VL, Rodrigues GR, Scandorieiro S, Vespero EC, Oba A, De Brito BG, et al. Evaluation of the antibiotic resistance and virulence of *Escherichia coli* strains isolated from chicken carcasses in 2007 and 2013 from Paraná, Brazil. *Foodborne Pathog Dis.* 2016; 12 (6): 479–85. Doi: <https://doi.org/10.1089/fpd.2014.1888>
25. Li Y, Ma X, Li C, Dai X, Zhang L. Occurrence and genomic characterization of ESBL-producing *Escherichia coli* ST29 strains from swine with abundant virulence genes. *Microb Pathog.* 2020; 148 (1): 104483. Doi: <https://doi.org/10.1016/j.micpath.2020.104483>
26. Linares JF & Martínez JL. Antimicrobial resistance and bacterial virulence. *Enferm Infecc Microbiol Clin.* 2016; 23 (2): 86–93. Doi: <https://doi.org/10.1157/13071612>
27. Maciel JF, Matter LB, Trindade MM, Camillo G, Lovato M, de Ávila Botton S, et al. Virulence factors and antimicrobial susceptibility profile of extraintestinal *Escherichia coli* isolated from an avian colisepticemia outbreak. *Microb Pathog.* 2017; 103 (4): 119–22. Doi: <https://doi.org/10.1016/j.micpath.2016.12.020>
28. Majumder S, Jung D, Ronholm J, George S. Prevalence and mechanisms of antibiotic resistance in *Escherichia coli* isolated from mastitic dairy cattle in Canada. *BMC Microbiol.* 2021; 21 (1): 208-222 . Doi: <https://doi.org/10.1186/s12866-021-02280-5>
29. Marazzato M, Aleandri M, Massaro MR, Vitanza L, Conte AL, Conte MP, et al. *Escherichia coli* strains of chicken and human origin: Characterization of antibiotic and heavy-metal resistance profiles, phylogenetic grouping, and presence of virulence genetic markers. *Res Vet Sci.* 2020; 132 (1): 150–5. Doi: <https://doi.org/10.1016/j.rvsc.2020.06.012>

30. Marquez, M & Barrera, G. Vista de Mecanismos de Patogenicidad de *Escherichia Coli* y *Salmonella* spp. Rev Educ Ciencias Ingen [Internet]. 2019 [citado 5 Mar 2022]; 113 (6): 1-13. Disponible en: <https://contactos.izt.uam.mx/index.php/contactos/article/view/16/16>
31. Martínez-Vázquez AV, Rivera-Sánchez G, Lira-Méndez K, Reyes-López MÁ, Bocanegra-García V. Prevalence, antimicrobial resistance and virulence genes of *Escherichia coli* isolated from retail meat in Tamaulipas, Mexico. J Glob Antimicrob Resist. 2018; 1 (14): 266–72. Doi: <https://doi.org/10.1016/j.jgar.2018.02.016>
32. Miranda P, Elena L, Rodríguez V, Sánchez SH, Flores A, Torre D, et al. Genes de Virulencia y Grupo Filogenético en Aislados de *Escherichia Coli* Patogénica Aviar. iMedPub. 2018; 14 (1): 1-5. <https://www.itmedicalteam.pl/articles/genes-de-virulencia-y-grupo-filogeneacutetico-en-aislados-de-escherichia-coli-patogeacutenica-aviar-103416.html>
33. Mohamed L, Ge Z, Yuehua L, Yubin G, Rachid K, Mustapha O, et al. Virulence traits of avian pathogenic (APEC) and fecal (AFEC) *E. coli* isolated from broiler chickens in Algeria. Trop Anim Health Prod. 2018; 50 (3): 547–53. Doi: <https://doi.org/10.1007/s11250-017-1467-5>
34. Montilla J, Santini L, Calvete S y Álvarez, L. Efecto de la presencia de sombra en áreas de pastoreo de ovinos, Actividad animal. 2018 [citado 21 Feb 2022]; 41 (1): 41–9. Disponible en: <https://www.redalyc.org/journal/2691/269158212006/269158212006.pdf>
35. Quiguanás-Guarín E, Granobles-Velandia C, Arango-Gil B, Giraldo-Rubio V, Castaño-Osorio J. Aislamiento de *Escherichia coli* productora de toxina Shig a (STEC) en heces de ganado y detección de factores de virulencia asociados con su patogénesis. Infectio. 2020; 25 (1): 33. Doi: <http://dx.doi.org/10.22354/in.v25i1.906>
36. Ramirez de la Robera, J. El clima y su influencia en la producción de los pastos. Rev Electrónica Vet [Internet]. 2017 [citado 16 Ene 2022]; 18 (6): 1–12. Disponible en: <https://www.redalyc.org/pdf/636/63651420007.pdf>
37. Riley LW. Distinguishing Pathovars from Nonpathovars: *Escherichia coli*. Microbiol Spectr. 2020; 8 (4): AME-0014-0020. Doi: <https://doi.org/10.1128/microbiolspec.AME-0014-2020>

38. Rípodas Navarro A, Fernández Moreira D, Macho Martínez M. Investigación de *Escherichia Coli* productor de toxinas Shiga (STEC) en carnes y derivados cárnicos. *Sanid Mil* [Internet]. 2017; 73 (3): 147–52. [https://scielo.isciii.es/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1887-85712017000300147#:~:text=El%20t%C3%A9rmino%20Escherichia%20coli%20productor,la%20colitis%20hemorr%C3%A1gica%20\(CH\)](https://scielo.isciii.es/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1887-85712017000300147#:~:text=El%20t%C3%A9rmino%20Escherichia%20coli%20productor,la%20colitis%20hemorr%C3%A1gica%20(CH))
39. Sanz López L. Estudio de factores de virulencia en *Escherichia coli* [Tesis]. Valladolid, Universidad de Valladolid, 2021. Disponible en: <https://uvadoc.uva.es/handle/10324/48444>
40. Sarowska J, Futoma-Koloch B, Jama-Kmiecik A, Frej-Madrzak M, Ksiazczyk M, Bugla-Ploskonska G, et al. Virulence factors, prevalence and potential transmission of extraintestinal pathogenic *Escherichia coli* isolated from different sources: Recent reports. *Gut Pathog.* 2019; 21 (10): 1–10. Doi: <https://doi.org/10.1186/s13099-019-0290-0>
41. Sivaraman GK, Sudha S, Muneeb KH, Shome B, Holmes M, Cole J. Molecular assessment of antimicrobial resistance and virulence in multi drug resistant ESBL-producing *Escherichia coli* and *Klebsiella pneumoniae* from food fishes, Assam, India. *Microb Pathog.* 2020; 149 (2): 104581. Doi: <https://doi.org/10.1016/j.micpath.2020.104581>
42. Subedi M, Luitel H, Devkota B, Bhattarai RK, Phuyal S, Panthi P, et al. Antibiotic resistance pattern and virulence genes content in avian pathogenic *Escherichia coli* (APEC) from broiler chickens in Chitwan, Nepal. *BMC Vet Res.* 2018; 14 (1): 107-113. Doi: <https://doi.org/10.1186/s12917-018-1442-z>
43. Taha ZM & Yassin NA. Prevalence of diarrheagenic *Escherichia coli* in animal products in Duhok province, Iraq. *Iran J Vet Res* [Internet]. 2019 [citado 10 Abr 2022]; 20 (4): 255–62. Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6983314/>
44. Thierry SIL, Gannon JE, Jaufeerally-Fakim Y, Santchurn SJ. Shiga-toxigenic *Escherichia coli* from animal food sources in Mauritius: Prevalence, serogroup diversity and virulence profiles. *Int J Food Microbiol.* 2020 Jul 2; 324 (1): 08589. Doi: <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2020.108589>
45. Umpiérrez A, Ernst D, Fernández M, Oliver M, Casaux ML, Caffarena RD, et al. Virulence genes of *Escherichia coli* in diarrheic and healthy calves. *Argent Microbiol.* 2021; 53 (1): 34–8. Doi: <https://doi.org/10.1016/j.ram.2020.04.004>

46. Varga C, Brash ML, Slavic D, Boerlin P, Ouckama R, Weis A, et al. Evaluating Virulence-Associated Genes and Antimicrobial Resistance of Avian Pathogenic *Escherichia coli* Isolates from Broiler and Broiler Breeder Chickens in Ontario, Canada. *Avian Dis.* 2018; 62 (3): 291–9. Doi: <https://doi.org/10.1637/11834-032818-reg.1>
47. Wu B, Duan H, Qi Q, Cai Y, Zhong Z, Chai T. Identifying virulence factor genes in *E. coli* in animal houses and their transmission to outside environments. *J Aerosol Sci.* 2018; 117 (1): 189–99. Doi: <https://doi.org/10.1016/j.jaerosci.2017.11.009>
48. Xu A, Scullen OJ, Sheen S, Liu Y, Johnson JR, Sommers CH. Inactivation of extraintestinal pathogenic *E. coli* suspended in ground chicken meat by high pressure processing and identification of virulence factors which may affect resistance to high pressure. *Food Control.* 2020; 111 (1): 107070. Doi: <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2019.107070>
49. Zhang D, Zhang Z, Huang C, Gao X, Wang Z, Liu Y, et al. The phylogenetic group, antimicrobial susceptibility, and virulence genes of *Escherichia coli* from clinical bovine mastitis. *J Dairy Sci.* 2018 Jan 1; 101 (1): 572–80. Doi: <https://doi.org/10.3168/jds.2017-13159>
50. Zhang S, Chen S, Rehman MU, Yang H, Yang Z, Wang M, et al. Distribution and association of antimicrobial resistance and virulence traits in *Escherichia coli* isolates from healthy waterfowls in Hainan, China. *Ecotoxicol Environ Saf.* 2021 Sep 1; 220 (21): 112317. Doi: <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2021.112317>