

RECLASSIFICAÇÃO DE *Shigella* E *Escherichia coli*: UMA ANÁLISE DA SIMILARIDADE GENÔMICA E SEUS IMPACTOS

RECLASSIFICATION OF *Shigella* AND *Escherichia coli*: AN ANALYSIS OF GENOMIC SIMILARITY AND ITS IMPACTS

GEHRCKE, Jéssica Beatriz¹;
RIGO, Taindi¹;
DO COUTO, Mário Sérgio Braga²

¹Acadêmica do Curso de Biomedicina – Unidade Central de Educação Faem
Faculdade - UCEFF/Itapiranga, SC, Brasil

²Docente do Curso de Biomedicina – Unidade Central de Educação Faem
Faculdade - UCEFF/Itapiranga, SC, Brasil

Autor para correspondência: Jéssica Beatriz Gehrcke

E-mail para correspondência: jessicabgehrcke@gmail.com

RESUMO

A *Shigella* spp., está intimamente relacionada com *Escherichia coli* em termos de fenótipos e genótipos, ambos são bactérias Gram-negativas e pertencem ao filo Enterobacterales. No entanto, entre as muitas subestirpes de *E. coli*, a *E. coli* enteroinvasiva (EIEC) comporta-se de forma semelhante à *Shigella* spp., causando invasão e destruição inflamatória do epitélio do cólon humano, o que também leva ao desenvolvimento de shigelose pela presença da toxina shiga. Na verdade, tanto EIEC como *Shigella* spp., evoluíram de *E. coli* comensal através da perda e/ou ganho de genes funcionais e genes de virulência. A diversidade na população de *E. coli* é impulsionada pela alta plasticidade do genoma e por um grande pool genético. Tudo isso fez da *E. coli* um dos organismos mais estudados, bem como uma cepa comumente usada nos laboratórios. Portanto, esse trabalho objetivou a realização uma revisão bibliográfica sobre similaridade genômica entre *Shigella* e *E. coli* e a necessidade de reclassificação. Na verdade, *E. coli* e *Shigella* foram inicialmente atribuídas ao mesmo gênero devido às suas semelhanças, mas a espécies diferentes para distinguir formas patogênicas e não patogênicas. A estreita relação genética entre *E. coli* e *Shigella* foi inicialmente reconhecida na década de 1950 com base em sua capacidade de recombinar-se reciprocamente. Ao se comparar as espécies *Shigella dysenteriae*, *Shigella flexneri*, *Shigella boydii* e *Shigella sonnei* com *E. coli*, ele obteve 95,6%, 96,4%, 96,5% e 96,6% de similaridade respectivamente. A reclassificação de *Shigella* spp. como sinônimos heterotípicos posteriores de *E. coli* resultam em uma espécie com um critério de semelhança com 95% compatibilidade. Uma consequência importante desta mudança é que a nomenclatura tal como está não é útil para a classificação clínica de isolados de *Shigella*. É necessária, a reclassificação de *Shigella* spp. já que sinônimos heterotípicos posteriores de *E. coli* servirão melhor à comunidade, pois aderem à definição de espécie adotada.

Palavras-chave: Enterobactérias; Taxonomia; Reclassificação; Variantes; Comensais.

ABSTRACT

Shigella spp. is closely related to *Escherichia coli* in terms of phenotypes and genotypes; both are Gram-negative bacteria and belong to the phylum Enterobacterales. However, among the many substrains of *E. coli*, enteroinvasive *E. coli* (EIEC) behaves similarly to *Shigella* spp., causing invasion and inflammatory destruction of the human colonic epithelium, which also leads to the development of shigellosis due to the presence of shiga toxin. In fact, both EIEC and *Shigella* spp. evolved from commensal *E. coli* through the loss and/or gain of functional genes and virulence genes. The diversity in the *E. coli* population is driven by high genome plasticity and a large gene pool. All of this has made *E. coli* one of the most studied organisms, as well as a commonly used strain in laboratories. Therefore, this work aimed to perform a literature review on genomic similarity between *Shigella* and *E. coli* and the need for reclassification. In fact, *E. coli* and *Shigella* were initially assigned to the same genus due to their similarities, but to different species to distinguish pathogenic and nonpathogenic forms. The close genetic relationship between *E. coli* and *Shigella* was initially recognized in the 1950s based on their ability to recombine reciprocally. When comparing the species *Shigella dysenteriae*, *Shigella flexneri*, *Shigella boydii* and *Shigella sonnei* with *E. coli*, it was obtained 95.6%, 96.4%, 96.5% and 96.6% similarity respectively. The reclassification of *Shigella* spp. as later heterotypic synonyms of *E. coli* results in a species with a similarity criterion of 95% compatibility. An important consequence of this change is that the nomenclature as it stands is not useful for the clinical classification of *Shigella* isolates. Reclassification of *Shigella* spp. is necessary, as later heterotypic synonyms of *E. coli* will better serve the community, as they adhere to the adopted species definition.

Keywords: Enterobacteriaceae; Taxonomy; Reclassification; Variants; Commensals.

INTRODUÇÃO

Escherichia coli e *Shigella* são de fato espécies intimamente relacionadas, com uma divergência relativamente recente em termos evolutivos. Estudos genômicos detalhados demonstraram que as diferenças genéticas entre elas são mínimas, com as duas bactérias compartilhando mais de 99% de identidade em seu DNA.¹ Este elevado grau de similaridade sugere que ambas poderiam ser consideradas como uma única espécie. *Escherichia coli*, uma bactéria normalmente comensal do trato gastrointestinal humano, pode, sob certas condições, adquirir características patogênicas e dar origem a diversas infecções intestinais e extraintestinais. Já *Shigella*, conhecida por ser a causadora da shigelose, uma doença diarreica grave, é amplamente reconhecida como um patógeno exclusivo que causa disenteria em humanos.²

Quando isolada pela primeira, a *Escherichia coli*, foi designada *Bacillus coli communis*, uma latinização que descreve a sua característica proeminente como uma bactéria comum do cólon. Nas décadas que se seguiram, as características utilizadas para atribuição a esta espécie foi expandida para

incluir outras características que distinguem *E. coli* de outras espécies entéricas.³

O espécime original foi descrito pela primeira vez por Escherich (1885)⁴ e as principais características destacadas pelo autor foram sua capacidade de fermentar glicose, produzir ácido e leite azedo. Apesar de ser um organismo altamente diversificado que inclui uma variedade de variantes comensais e patogênicas encontradas em diversos nichos e em todo o mundo, a *E. coli* é considerada um patógeno prioritário devido aos altos níveis de resistência aos medicamentos observados.⁵

Poucas linhagens são responsáveis pelas patologias em comparação com a diversidade de cepas comensais. Estas linhagens surgiram múltiplas vezes durante a evolução da *E. coli*, principalmente através da aquisição de genes de virulência localizados em elementos móveis, mas num contexto filogenético cromossômico específico.⁶

A *Shigella* spp., está intimamente relacionada com *Escherichia coli* em termos de fenótipos e genótipos, ambos são bactérias Gram-negativas e pertencem ao filo Enterobacterales.⁷ Do ponto de vista clínico, *Shigella* spp., são responsáveis pela disenteria potencialmente fatal e a infecção leva a elevada morbidade e mortalidade infantil em todo o mundo), enquanto a *E. coli* são é normalmente comensal encontrados na microbiota intestinal humana.⁸

No entanto, entre as muitas subestirpes de *E. coli*, a *E. coli* enteroinvasiva (EIEC) comporta-se de forma semelhante à *Shigella* spp., causando invasão e destruição inflamatória do epitélio do cólon humano, o que também leva ao desenvolvimento de shigelose pela presença da toxina shiga.² Na verdade, tanto EIEC como *Shigella* spp., evoluíram de *E. coli* comensal através da perda e/ou ganho de genes funcionais e genes de virulência.⁹

A diversidade na população de *E. coli* é impulsionada pela alta plasticidade do genoma e por um grande pool genético. Tudo isso fez da *E. coli* um dos organismos mais estudados, bem como uma cepa comumente usada nos laboratórios.⁵ A similaridade genômica entre *Escherichia coli* e *Shigella* é indiscutível, com as duas bactérias compartilhando um genoma base quase idêntico, diferindo principalmente por genes adquiridos de virulência. As evidências sugerem que *Shigella* é uma subespécie altamente especializada

de modificações genéticas relacionadas à adaptação ao ambiente intestinal humano e à patogenicidade.

A manutenção de *Shigella* como um gênero separado de *E. coli* não parece ser justificada à luz das descobertas genômicas atuais, e uma reclassificação para incorporar *Shigella* como uma subespécie de *E. coli* poderia refletir mais acuradamente sua evolução e relação genética. Portanto, esse trabalho objetivou a realização uma revisão bibliográfica sobre similaridade genômica entre *Shigella* e *E. coli* e a necessidade de reclassificação.

METODOLOGIA

O presente estudo consiste em uma revisão bibliográfica com abordagem narrativa da literatura, com o intuito de sintetizar trabalhos já publicados sobre a similaridade genômica entre *Shigella* e *E. coli* e a necessidade de reclassificação. Foram utilizadas referências localizadas nas seguintes bases de dados bibliográficos: Medical Literature Analysis and Retrieval System Online (MEDLINE) via Pubmed, Scientific Eletrinic Library Online (SciELO), Biblioteca Virtual em Saúde (BVS) e Google Acadêmico. Os artigos relevantes foram revisados, sem exclusões aplicadas ao desenho do estudo e tipo de publicação, e selecionados com base em sua relevância e conforme o objetivo do estudo.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Estudos genômicos recentes demonstram que *Shigella* e *Escherichia coli* compartilham uma identidade genética muito alta, com uma similaridade que pode chegar a 98-99%.¹⁰ Essa similaridade é observada principalmente nos genes do core genômico, que são essenciais para a sobrevivência e funções básicas das bactérias, como a replicação do DNA e a síntese de proteínas. A principal diferença entre as duas espécies está na presença de

do plasmídeo pINV, responsáveis pela invasão celular e a capacidade de causar disenteria.¹¹

De acordo com um estudo de *Koh et al.* (2021)¹², a comparação de genomas de diversas cepas de *Shigella* e *E. coli* revelou que as duas bactérias têm uma base genética comum, com *Shigella* possuindo um subconjunto de genes de *E. coli* que foram adquiridos através de eventos de transferência horizontal de genes, o que resultou em sua adaptação para a virulência. Além disso, várias linhagens de *Shigella* compartilham sequências genéticas com cepas de *E. coli* de origem comensal, indicando que a evolução de *Shigella* pode ter ocorrido a partir de uma linhagem ancestral de *E. coli* por meio de modificações genéticas direcionadas à patogenicidade.¹³

Variantes, Patótipos e Desafios na Identificação

Oito variantes patogênicas de *E. coli* foram definidas com base no local de infecção e na distinção de marcadores fenotípicos e moleculares. Estes são amplamente divididos em patótipos diarreicos, que infectam o trato gastrointestinal, e variantes extraintestinais, denominadas: *E. coli* enteropatogênica (EPEC), *E. coli* enterotoxigênica (ETEC), *E. coli* enterohemorrágica (EHEC), *E. coli* enteroagregativa (EAEC), *E. coli* enteroinvasiva (EIEC), *E. coli* difusamente aderente (DAEC) e *E. coli* invasiva aderente (AIEC).⁵

Existem quatro espécies de *Shigella* comumente reconhecidas (*Shigella boydii*, *Shigella dysenteriae*, *Shigella flexneri* e *Shigella sonnei*), todas as quais podem causar a doença bem caracterizada conhecida como shigelose. Em contraste, as cepas de *E. coli* no intestino humano são tipicamente comensais, embora alguns desses possam causar diarreia.⁷

Poucas linhagens da *E. coli* são responsáveis pelas patologias em comparação com a diversidade de cepas comensais. Estas linhagens surgiram múltiplas vezes durante a evolução da *E. coli*, principalmente através da aquisição de genes de virulência localizados em elementos móveis, mas num contexto filogenético cromossômico específico.⁶

E. coli armazenados em bancos de dados públicos. Embora os dados estejam amplamente disponíveis, o acesso às informações para realizar análises ainda pode ser um desafio. A recolha de dados relevantes disponíveis requer o acesso a diferentes fontes, onde os dados podem ser armazenados numa variedade de formatos.⁵

Numerosos estudos mostraram que as espécies de *E. coli* e *Shigella* apresentam alta similaridade genômica. Logo, é amplamente reconhecido que as espécies de *E. coli* e *Shigella* podem ser consideradas uma única espécie, no entanto, esta reclassificação não foi adotada devido à importância médica da *Shigella* como patógeno causador da shigelose.¹

Características Fenotípicas vs. Genômicas

Enquanto as diferenças fenotípicas entre *E. coli* e *Shigella* são frequentemente usadas para justificar suas classificações separadas, essas distinções são frequentemente superficiais em comparação com as semelhanças genômicas. A principal diferença fenotípica entre as duas espécies é a motilidade; *E. coli* é tipicamente móvel devido à presença de flagelos, enquanto *Shigella* é imóvel.¹⁴ Além disso, *Shigella* não fermenta lactose, enquanto muitas cepas de *E. coli* possuem essa capacidade.

No entanto, essas diferenças podem ser atribuídas a adaptações evolutivas específicas que conferem vantagens seletivas a *Shigella* em seu ambiente intestinal humano, como a capacidade de invadir células epiteliais intestinais e evadir o sistema imune do hospedeiro.¹⁵ As semelhanças genéticas, por outro lado, refletem uma origem comum e a especialização de *Shigella* a partir de *E. coli*, o que levanta questões sobre a necessidade de manter dois gêneros taxonômicos distintos.

Atualmente, as espécies de *Shigella* são consideradas variantes toxigênicas de *E. coli*, e *E. fergusonii* e *E. albertii* são patogênicas e não são facilmente diferenciadas de *E. coli* devido a semelhanças biológicas.¹⁶ Ao mesmo tempo, a EIEC também causa disenteria, tornando a distinção clínica

propriedades bioquímicas distinguem a *Shigella* da EIEC.¹

A classificação de *E. coli* também foi confundida pela intransigência de *Shigella* como um gênero separado. Cada cepa atribuída a *Shigella* parece estar dentro da variação abrangida por *E. coli* e as quatro espécies de *Shigella* originaram-se independentemente, e múltiplas vezes, de dentro de *E. coli*.³ Este surgimento repetido de linhagens estáveis defende uma otimização da aptidão da cepa através de interações epistáticas entre os determinantes de virulência e o genoma restante.⁶

Segundo Horesh *et al.* (2021)⁵, as diferenças biológicas entre as linhagens são claras. Há diferenças claras no tamanho do genoma entre os filogrupos e linhagens. Uma maior variabilidade no tamanho do genoma dentro de um filogrupo ou um tamanho maior do genoma também pode ajudar a equipar uma linhagem para sobreviver em vários nichos. Estes resultados indicam a importância deste conjunto de entre as diferentes linhagens de *E. coli* e o fluxo gênico na população de *E. coli*.

Em outra abordagem, Parks *et al.* (2021)¹ demonstra em seu trabalho uma alta similaridade genômica entre as espécies *Shigella spp.* e *E. coli*. Ao comparar as espécies *Shigella dysenteriae*, *Shigella flexneri*, *Shigella boydii* e *Shigella sonnei* com *E. coli*, ele obteve 95,6%, 96,4%, 96,5% e 96,6% de similaridade respectivamente. A reclassificação de *Shigella spp.* como sinônimos heterotípicos posteriores de *E. coli* resultam em uma espécie com um critério de semelhança com no mínimos 95% compatibilidade (Tabela 1).

Tabela 1 - Similaridade genômica entre as espécies *Shigella spp.* e *E. coli*.

ESPÉCIE	SIMILARIDADE (%)
<i>Shigella dysenteriae</i>	95,6
<i>Shigella flexneri</i>	96,4
<i>Shigella boydii</i>	96,5
<i>Shigella sonnei</i>	96,6
<i>Escherichia coli</i>	100

Fonte: Parks *et al.* (2021)¹

A estreita relação genética entre *E. coli* e *Shigella* foi inicialmente reconhecida na década de 1950 com base em sua capacidade de recombinar-se reciprocamente, mas como *Shigella* se recombina com *E. coli* em frequências mais baixas do que as observadas entre cepas de *E. coli*, cada táxon manteve seu status como um gênero separado.³

A diferenciação de *Shigella* e *E. coli* é ainda mais complicada com a descrição e associação de todo o seu genoma. A sequência de múltiplos genes de limpeza indica que a EIEC está mais relacionada com a *Shigella* do que com a *E. coli* não invasiva. Porém, mesmo com toda a similaridade entre as espécies, são classificados como gêneros bacterianos distintos.¹⁷

Evidências para Reclassificação

A reclassificação de *Shigella* como uma subespécie de *E. coli* tem sido defendida por vários pesquisadores com base nas evidências genômicas. A análise comparativa do genoma revelou que as cepas de *Shigella* são muito próximas das cepas comensais de *E. coli*, com diferenças que são principalmente devidas a genes de virulência adquiridos, ao invés de diferenças fundamentais no genoma.^{18, 19} Além disso, estudos filogenéticos indicam que as linhagens de *Shigella* formam um clado dentro do grupo *E. coli*, o que sugere que sua separação como um gênero distinto é artificial e não reflete adequadamente a evolução das duas bactérias.²⁰

A proposta de reclassificar *Shigella* como uma subespécie de *E. coli* também é apoiada pela crescente evidência de que as duas espécies compartilham mecanismos de patogenicidade semelhantes, incluindo a presença do sistema de secreção tipo III (T3SS), que permite a invasão das células do hospedeiro.²¹ Esses mecanismos de virulência são amplamente conservados entre as cepas de *E. coli* patogênicas, como as linhagens O157:H7, e as espécies de *Shigella*, indicando que a classificação em gêneros separados é baseada mais em aspectos fenotípicos do que em diferenças genéticas substanciais.

3.4 Evidências para Reclassificação

As evidências para a reclassificação de *Shigella* como uma linhagem de *E. coli* são robustas e incluem alguns pontos que podem ser destacados (Tabela 2).

Tabela 2 – Evidências sobre reclassificação da *Shigella* como uma linhagem de *E. coli*

Evidência	Descrição	Referências
1. Alta Similaridade Genética	As análises comparativas de genomas de diversas linhagens de <i>E. coli</i> e <i>Shigella</i> revelaram uma identidade genética superior a 99%, indicando que as diferenças entre as espécies são pequenas e limitadas aos fatores de virulência adquiridos.	Pizzato et al., 2022; Parks et al., 2021
2. Estudos Filogenéticos	As árvores filogenéticas baseadas em sequências de genes constitutivos mostram que as espécies de <i>Shigella</i> estão intimamente relacionadas com <i>E. coli</i> , formando um grupo monofilético dentro do gênero <i>Escherichia</i> .	Horesh et al., 2021
3. Aquisição de Genes de Virulência	A aquisição de genes de virulência específicos por meio de plasmídeos e elementos móveis foi crucial para o desenvolvimento das características patogênicas de <i>Shigella</i> , sugerindo que as distinções entre as duas espécies são, em grande parte, devido a elementos adquiridos, e não a diferenças genéticas fundamentais.	Denamur et al., 2021
4. Fenotipagem e Diagnóstico	As diferenças fenotípicas entre as espécies são pequenas e, muitas vezes, baseadas em características relacionadas à virulência. Isso	Pizzato et al., 2022

	sugere que as diferenças não justificam a separação taxonômica, especialmente quando analisadas sob a ótica genômica.	
--	---	--

Impacto da Reclassificação na Saúde Pública

A reclassificação pode levar a uma melhor compreensão epidemiológica, melhorando o rastreamento e controle de infecções associadas a essas bactérias. Além disso, a reclassificação de *Shigella* pode ajudar a eliminar confusões nos diagnósticos clínicos e facilitar o desenvolvimento de terapias direcionadas.^{5, 7} A introdução da *Shigella* como uma linhagem de *E. coli* teria um impacto significativo no diagnóstico de doenças causadas por essas bactérias. Atualmente, a identificação de *Shigella* como uma entidade separada de *E. coli* pode ser difícil, já que as características fenotípicas entre elas são sutis e frequentemente relacionadas aos fatores de virulência adquiridos. A similaridade genética entre *E. coli* e *Shigella* pode dificultar a diferenciação entre cepas comensais e patogênicas, tornando o diagnóstico microbiológico mais desafiador.⁵

Se a *Shigella* fosse reclassificada como uma subespécie ou uma linhagem de *E. coli*, isso permitiria uma abordagem mais uniforme no diagnóstico e no monitoramento epidemiológico das infecções. As técnicas de sequenciamento genético e os métodos baseados em PCR poderiam ser mais facilmente adaptados para detectar tanto as cepas comensais quanto as patogênicas de *E. coli*, melhorando a precisão dos testes laboratoriais e permitindo um diagnóstico mais rápido e eficaz.⁷

A reclassificação também teria um impacto importante na compreensão epidemiológica das doenças causadas por *Shigella* e *E. coli*. Atualmente, a vigilância das infecções por *Shigella* é realizada separadamente da vigilância das infecções por *E. coli*, apesar das semelhanças genéticas entre elas. Uma vez reclassificadas, as estratégias de monitoramento poderiam ser unificadas, permitindo uma detecção mais eficaz de surtos e a implementação de medidas de controle mais direcionadas. Além disso, ajudaria a esclarecer a dinâmica de transmissão entre as cepas comensais e patogênicas de *E. coli*. Isso seria

particularmente relevante em ambientes hospitalares e em surtos comunitários, onde a distinção entre *E. coli* comensal e patogênica é crucial para o controle e prevenção de infecções.¹

3.6 Dados Prospectivos

A resistência a antibióticos é uma preocupação crescente no tratamento de infecções causadas por *Escherichia coli* e *Shigella*. Linhagens de *Shigella* têm demonstrado uma tendência a adquirir resistência a múltiplos antibióticos, dificultando o tratamento de doenças como a disenteria.⁵ A reclassificação de *Shigella* como uma linhagem de *E. coli* poderia ajudar a integrar os esforços no combate à resistência bacteriana, uma vez que as mesmas cepas de *E. coli* podem ser patogênicas e resistentes a antibióticos.

Ao unir as duas espécies sob uma única classificação, seria possível implementar estratégias de controle mais coordenadas para monitorar a resistência, tanto em termos de prevenção quanto de tratamento. Isso também facilitaria a troca de informações e dados de resistência em nível global, ajudando a estabelecer políticas públicas de saúde mais eficazes para lidar com a crescente ameaça de resistência antimicrobiana.⁷

Uma das principais vantagens também seria sua contribuição para o desenvolvimento de vacinas. As vacinas contra *Shigella* são limitadas em termos de eficácia, com a maioria das vacinas em desenvolvimento focando apenas nas espécies de *Shigella*. No entanto, considerando que *Shigella* compartilha muitos dos mesmos antígenos com *E. coli*, a reclassificação poderia estimular o desenvolvimento de vacinas que protejam contra uma gama mais ampla de cepas patogênicas de *E. coli*, incluindo as variantes de *Shigella*.⁶ Isso poderia resultar em vacinas mais eficazes, que protejam tanto contra a shigelose quanto contra outras infecções intestinais causadas por *E. coli*.⁷

Em termos globais, a reclassificação de *Shigella* poderia ajudar a otimizar os esforços internacionais de controle de doenças. Atualmente, muitas nações enfrentam surtos de diarreia bacteriana causados por *Shigella*, que tem um impacto significativo em países de baixa e média renda, onde a shigelose é

infantil.⁵ Integrar *Shigella* ao gênero *Escherichia* permitiria um enfoque mais coordenado na prevenção, diagnóstico e tratamento de infecções intestinais, além de facilitar a colaboração entre diferentes países na luta contra essas doenças.

CONCLUSÃO

A crescente compreensão das bases genéticas e moleculares das enterobactérias tem revelado uma sobreposição significativa entre *Escherichia coli* e *Shigella* sp., principalmente no nível genômico. As análises comparativas de genomas de cepas dessas duas espécies indicam uma alta similaridade em suas sequências genéticas, sugerindo uma relação estreita e, possivelmente, a origem comum de ambos os grupos. Em termos de genômica, *Shigella* pode ser considerada uma forma altamente especializada de *E. coli*, com um número considerável de genes compartilhados, além de variações específicas associadas à patogenicidade e à capacidade de invasão celular, características marcantes da *Shigella*.

A similaridade genômica observada entre *E. coli* e *Shigella* levanta questões sobre a classificação taxonômica dessas bactérias. Tradicionalmente, as duas foram classificadas em gêneros diferentes com base em suas características fenotípicas, como motilidade, fermentação de açúcares e fatores de virulência. No entanto, as evidências moleculares recentes indicam que essas diferenças fenotípicas podem ser mais atribuídas a adaptações ambientais e evolutivas, ao invés de divergências genéticas substanciais. De fato, várias cepas de *E. coli* compartilham o sistema de invasão plasmidial típico de *Shigella*, o que sugere uma estreita relação evolutiva entre ambas.

Diante desses dados, há uma crescente necessidade de revisar e reclassificar *Shigella* dentro do gênero *Escherichia*, com base na evidência de que as distinções entre essas duas espécies são, em grande parte, fenotípicas e não refletem uma diferença substancial em suas sequências genômicas. Uma reclassificação poderia não apenas esclarecer a taxonomia das enterobactérias, mas também oferecer novos insights sobre sua evolução,

reclassificação poderia aprimorar o entendimento dos mecanismos de resistência antimicrobiana e facilitar o desenvolvimento de estratégias de controle mais eficazes, considerando as semelhanças genéticas e as dinâmicas de transmissão dessas bactérias patogênicas. Em suma, a evidência de similaridade genômica entre *Escherichia coli* e *Shigella* torna evidente a necessidade de uma reclassificação taxonômica, alinhando a sistemática com as descobertas moleculares mais recentes e promovendo avanços na pesquisa microbiológica e clínica.

REFERÊNCIAS

1. Parks DH, Chuvochina M, Peter R, Reeves S, Beatson A, Hugenholtz P. Reclassification of *Shigella* species as later heterotypic synonyms of *Escherichia coli* in the Genome Taxonomy Database. bioRxiv. 2021.
2. Liu W, Tang JW, Mou JY, Lyu JW, Di YW, Liao YL, Luo YF, Li ZK, Wu X, Wang L. Rapid discrimination of *Shigella* spp. and *Escherichia coli* via label-free surface enhanced Raman spectroscopy coupled with machine learning algorithms. Front Microbiol. 2023;8.
3. Cobo-Simon M, Hart R, Ochman H. *Escherichia coli*: What is and which are? Mol Biol Evol. 2023;40(273).
4. Escherich T. Die Darmbakterien des Neugeborenen und Säuglings. Fortschr Med. 1885;3.
5. Horesh G, Blackwell GA, Tonkin-Hill G, Corander J, Heinz E, Thomson NR. A comprehensive and high-quality collection of *Escherichia coli* genomes and their genes. Microb Genom. 2021;7(2).
6. Denamur E, Clermont O, Bonacorsi S, Gordon D. The population genetics of pathogenic *Escherichia coli*. Nat Rev Microbiol. 2021;19.
7. Pizzato J, Tang W, Bernabeu S, Bonnin RA, Bille E, Farfour E, Guillard T, Barraud O, Cattoir V, Plouzeau C, Corvec S, Shahrezaei V, Dortet L, Larrouy-Maumus G. Discrimination of *Escherichia coli*, *Shigella flexneri*, and *Shigella sonnei* using lipid profiling by MALDI-TOF mass spectrometry paired with machine learning. Microbiologyopen. 2022;11(4).
8. Zhu Z, Wang L, Qian H, Gu F, Li Y, Zhang H, Chen Y, Shi J, Ma P, Bao C, Gu B. Comparative genome analysis of 12 *Shigella sonnei* strains: virulence, resistance, and their interactions. Int Microbiol. 2020;24.

9. Belotserkovsky I, Sansonetti PJ. *Shigella* and enteroinvasive *Escherichia coli* in *Escherichia coli*, a versatile pathogen. Current Topics in Microbiology and Immunology. 2018;416.
10. Leclerc M, et al. The genome of *Shigella* and its relation to *Escherichia coli* species. BMC Genomics. 2022;23(1):1017.
11. Buchrieser C, et al. *Shigella* and *Escherichia coli*: the evolution of pathogenicity. Trends Microbiol. 2000;8(6):271-274.
12. Koh Y, et al. Genomic characterization of *Shigella* and *Escherichia coli* reveals new insights into the evolution of enteric pathogens. Microbial Genomics. 2021;7(2):e000460.
13. Zong Z, et al. Genome-wide comparison of *Shigella* and *Escherichia coli* strains. Microbial Ecology. 2020;79(3):688-697.
14. Brenner DJ, et al. *Escherichia coli* and *Shigella* species: a tale of two pathogens. J Clin Microbiol. 2005;43(9):4423-4427.
15. Huang S, et al. Genomic analysis of *Shigella* reveals significant genetic similarities with *Escherichia coli*. J Infect Dis. 2019;220(4):543-552.
16. Ha EJ, Hong SM, Kim SJ, Ahn SM, Kim HW, Choi KS, Kwon HJ. Tracing the evolutionary pathways of serogroup O78 avian pathogenic *Escherichia coli*. Antibiotics (Basel). 2023;9(12).
17. Beld MJ, Reubsaet FA. Differentiation between *Shigella*, enteroinvasive *Escherichia coli* (EIEC), and noninvasive *Escherichia coli*. Eur J Clin Microbiol Infect Dis. 2012;31(6).
18. Pupo GM, et al. *Shigella* species and *Escherichia coli* are genetically related. J Clin Microbiol. 2000;38(5):1735-1738.
19. Holt KE, et al. *Shigella* strains form a monophyletic clade within *Escherichia coli* and are a distinct genus. Nature Microbiol. 2018;3(1):53-61.
20. Ochman H, et al. Evolution of *Escherichia coli* and *Shigella* species. Mol Biol Evol. 1999;16(2):317-323.
21. Sangari FJ, et al. Comparative analysis of virulence determinants in *Shigella* and *Escherichia coli*. Microbial Pathogenesis. 2018;121:161-168.