

Enterococos são bactérias Gram-positivas encontradas no trato gastrointestinal de animais, em solo, água e alimentos. São importantes produtores de alimentos fermentados e algumas espécies são utilizadas como probiótico. Entretanto, são também microrganismos associados a infecções nosocomias, como endocardites, bacteremias e infecções geniturinárias. Seu papel dualístico na natureza estimula a pesquisa dos fatores que determinam sua virulência. Entre os fatores que contribuem para a virulência em enterococos, destacam-se os genes *gelE*, *esp*, *agg*, *ace* e *cylA*, que codificam proteínas associadas à invasão, adesão e colonização do hospedeiro. O objetivo do presente estudo é investigar a distribuição dos genes envolvidos com os fatores de virulência e a atividade das enzimas gelatinase e hemolisina codificadas pelos genes *gelE* e *cylA*, respectivamente, entre amostras alimentares e clínicas de *Enterococcus* sp. Foram selecionadas 66 amostras clínicas da bacterioteca da UFCSPA e 70 alimentares da bacterioteca da UFRGS, todas identificadas previamente para gênero e espécie. A técnica de reação em cadeia da polimerase (PCR) foi empregada para amplificação dos genes *gelE*, *esp*, *agg*, *ace* e *cylA*. Os resultados obtidos até o momento demonstraram que os genes *gelE*, *esp*, *agg*, *ace* e *cylA* foram identificados em, respectivamente, 76%, 89%, 56%, 65% e 36% das amostras clínicas e em 80%, 0%, 3%, 73% e 6% das alimentares. Testes bioquímicos para atividade da gelatinase e da hemolisina estão sendo realizados, bem como a análise de polimorfismos do gene *esp* através de PCR-RFLP. Como conclusão parcial, infere-se que existem diferenças na prevalência dos genes *esp*, *agg* e *cylA* entre amostras clínicas e alimentares de *Enterococcus* sp.