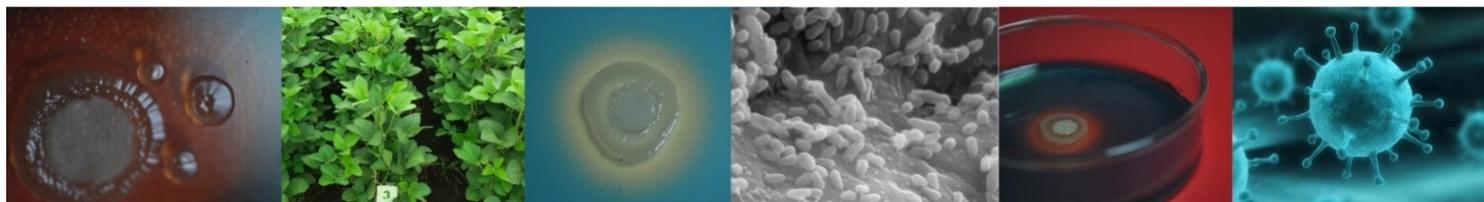


IV CAMAyA

IV Congreso Argentino de Microbiología

I MicroGen

I Jornada de Microbiología General



Libro de Resúmenes

11, 12 y 13 de Abril de 2018
Hotel 13 de Julio, Mar del Plata, Argentina



DIVERSIDAD GENÉTICA DE AISLAMIENTOS DE *Escherichia coli* VEROTOXIGÉNICO O157:H7 CIRCULANTES EN ARGENTINA

Juliana González (1)*, Jimena Cadona (1), Mariel Sanso (1), Ana Bustamante (1)

(1) Laboratorio de Inmunoquímica y Biotecnología, Centro de Investigación Veterinaria de Tandil (CIVETAN), CONICET, Facultad de Ciencias Veterinarias, UNCPBA, Tandil, Argentina.

Escherichia coli verotoxigénico (VTEC) constituye un importante grupo de patógenos emergentes de origen zoonótico, capaz de causar patologías muy severas en el hombre, tales como colitis hemorrágica y síndrome urémico hemolítico (SUH). El serotipo O157:H7 es el mayormente involucrado en los casos de enfermedad en el mundo, y en Argentina, también el más frecuentemente asociado al SUH. Sin embargo, no todos los aislamientos de O157:H7 tienen la misma capacidad de infectar y de causar enfermedad en el hombre. El análisis de múltiples *loci* VNTRs (repeticiones en tándem de número variable) o MLVA, permite establecer relaciones genéticas entre cepas bacterianas para la vigilancia epidemiológica y la subtipificación molecular de organismos patógenos como VTEC O157:H7. Además, el estudio de múltiples factores de virulencia genómicos y plasmídicos, permite discriminar entre cepas de las cuales se sospecha clonalidad. Nuestro objetivo fue evaluar la diversidad genética existente en un grupo de 43 cepas de VTEC O157:H7 aisladas de bovinos, humanos y alimentos mediante la subtipificación por MLVA y el estudio de la distribución de genes codificantes de factores de virulencia. Todos los aislamientos son *vtx*₂ y *eae* positivos, y fueron obtenidos en el Laboratorio de Inmunoquímica y Biotecnología - UNCPBA entre 2000 y 2014. Se amplificaron por PCR 8 *loci* VNTRs específicos para O157:H7 y 31 genes codificantes de factores de virulencia genómicos y plasmídicos. Los *loci* VNTRs mostraron entre 4 y 10 alelos y cinco de ellos presentaron alelos nulos. El índice de diversidad genética (D_N) para cada VNTR varió entre 0.56 y 0.85. Se observó un total de 36 perfiles MLVA, 33 de los cuales fueron únicos. El índice de diversidad de Simpson fue D_S : 0.98, lo cual indica un alto poder de discriminación del método. Los perfiles de virulencia observados fueron 24 en total, 17 de los cuales fueron únicos. El análisis de agrupamiento por UPGMA realizado en base a los resultados de MLVA, reflejó la alta diversidad genética existente entre las cepas VTEC O157:H7 circulantes en Argentina. Por otro lado, los perfiles de virulencia permitieron, en algunos casos, discriminar aislamientos con igual perfil de MLVA, dando cuenta de la importancia del análisis de múltiples marcadores moleculares.