



ALAM  
2018

XXIV CONGRESO LATINOAMERICANO  
DE MICROBIOLOGIA

Santiago, Chile



ASOCIACIÓN LATINOAMERICANA  
DE MICROBIOLOGÍA



**XXIV Congreso Latinoamericano de Microbiología**  
**XL Congreso Chileno de Microbiología**  
**II Reunión Anual de la Asociación Chilena de Inmunología**  
**IX Reunión de la Sociedad Latinoamericana de Tuberculosis  
y otras Micobacteriosis**

**Centro de Eventos y Convenciones Centroparque,  
ubicado en el Parque Araucano, Santiago, Chile**

**Del 13 al 16 de noviembre de 2018**

**[alam.science/alam-2018](http://alam.science/alam-2018)**

**LIBRO DE RESÚMENES**



## MA268

### Evaluación de niveles de inducción de fagos Stx2a en cepas de *Escherichia coli* productor de toxina Shiga (STEC)

Julia Burgán<sup>1</sup>, **Alejandra Krüger**<sup>1</sup>, Lucchesi Paula MA<sup>1</sup>. <sup>(1)</sup> Centro de Investigación Veterinaria de Tandil (CIVETAN), Facultad de Ciencias Veterinarias, CONICET-CIC-UNCPBA, Tandil, AR.

*Escherichia coli* productor de toxina Shiga (STEC) coloniza el tracto intestinal de humanos, causándoles diarreas y graves enfermedades como síndrome urémico hemolítico (SUH). Existen diversos subtipos de toxinas Shiga, siendo el Stx2a el mayormente asociado a casos de SUH. Los genes *stx* son portados por fagos que presentan gran diversidad y juegan un rol fundamental en la patogénesis de STEC. Estos genes están ubicados río abajo del gen *q*, que codifica una proteína antiterminadora que regula la expresión de genes tardíos, asociados al ciclo lítico de los fagos. Los objetivos de este trabajo fueron evaluar los niveles de inducción con mitomicina C de profagos Stx2a y comparar estos niveles según serotipo, origen u otras características genéticas de las cepas STEC. Se seleccionaron 20 cepas STEC positivas para *stx*<sub>2a</sub> (aisladas de bovinos, humanos y alimentos) en las cuales se analizó por PCR la presencia de otros subtipos de *stx*, del gen *ninG* y de los alelos *q*<sub>933</sub>, *q*<sub>21</sub> y *q*<sub>O111</sub>. Los niveles de inducción de profagos se evaluaron mediante ensayos de doble placa de agar y qPCR. Se detectaron los subtipos *stx*<sub>2a</sub> (11 cepas), *stx*<sub>2a</sub>/*stx*<sub>2c</sub> (8) y *stx*<sub>1a</sub>/*stx*<sub>2a</sub> (1). Diecisiete cepas presentaron *ninG* y el alelo *q*<sub>933</sub> solo o asociado a *q*<sub>21</sub>. Las tres restantes fueron negativas para *ninG*: una positiva para *q*<sub>O111</sub> y dos no presentaron ninguno de los alelos *q* buscados. Se evidenció inducción con mitomicina C en 17 cepas, con aumento entre 1 y 3 órdenes de magnitud en la producción de fagos evaluada por ambas metodologías. Las tres cepas negativas para *q*<sub>933</sub> y *ninG* mostraron menor inducción que las positivas o no produjeron fagos. Las cepas que portaban solamente el subtipo *stx*<sub>2a</sub> mostraron significativamente mayor inducción que las que portaban tanto *stx*<sub>2a</sub> como *stx*<sub>2c</sub>, pero no se observaron diferencias significativas en cuanto a las otras variables analizadas. Los resultados muestran que la mayoría de los fagos Stx2a, independientemente del origen del aislamiento, son inducibles y además la presencia de varios fagos con diferentes subtipos de Stx2 en una misma cepa y características genéticas de los mismos podrían influir en sus niveles de inducción.