



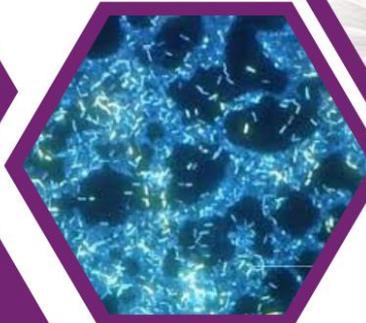
**Facultad de
Ciencias Veterinarias**

Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires

JORNADAS DE INVESTIGACIÓN Y POSGRADO

El desafío de visibilizar la Ciencia

LIBRO DE RESÚMENES



10 y 11 de agosto de 2022
Tandil. Buenos Aires

Etcheverría, Analía Inés

Libro de Resúmenes de las Jornadas de Investigación y Posgrado de la Facultad de Ciencias Veterinarias de la UNCPBA : el desafío de visibilizar la Ciencia / Analía Inés Etcheverría ; Nora Lía Padola ; compilación de Daniela Agüeria ; Laura Nadín ; Maria Julia Traversa. - 1a ed. - Tandil : Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires, 2022.

Libro digital, PDF

Archivo Digital: descarga y online

ISBN 978-950-658-579-2

1. Proyectos de Investigación. 2. Veterinaria. 3. Ciencias Tecnológicas. I. Padola, Nora Lía. II. Agüeria, Daniela, comp. III. Nadín, Laura, comp. IV. Traversa, Maria Julia, comp. V. Título.

CDD 636.0890982

ROL DE LA SIALATO O-ACETILESTERASA CODIFICADA POR FAGOS STX EN LA VIRULENCIA DE CEPAS STEC

PASCAL Stefanía B. (1,2), LUCCHESI Paula M.A. (1,2), KRÜGER Alejandra (1,2)

1) Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires (UNCPBA), Facultad de Ciencias Veterinarias, CISAPA, Tandil, Buenos Aires, Argentina.

2) CIVETAN UNCPBA-CICPBA-CONICET, Tandil, Buenos Aires, Argentina.

spascal@vet.unicen.edu.ar

Escherichia coli productor de toxina Shiga (STEC) es un patógeno que puede causar diarrea y severas enfermedades como colitis hemorrágica y síndrome urémico hemolítico. La toxina Shiga (Stx) es considerada el principal factor de virulencia de STEC, siendo el subtipo Stx2a el más frecuentemente asociado a enfermedad grave. Otros factores podrían facilitar la infección y el desarrollo de enfermedad, aunque todavía está en investigación cuáles serían necesarios e indispensables. Las Stxs están codificadas por bacteriófagos (denominados fagos Stx) que también regulan su producción. Los fagos Stx son un grupo heterogéneo respecto a tamaño, morfología y especificidad de hospedador. Los análisis genómicos realizados hasta el momento también revelan su variabilidad genética y muestran un alto porcentaje de genes con funciones desconocidas. En el genoma del fago Stx2a modelo (933W), se identificó un gen codificante de una acetilesterasa (NanS-p) cuya capacidad de hidrolizar el ácido siálico Neu5,9Ac2 y liberar ácido acético a partir de mucina fue posteriormente demostrada. Teniendo en cuenta que distintos microorganismos utilizan los ácidos siálicos como estrategias para establecer relaciones con sus hospedadores, planteamos como objetivo general del trabajo determinar el rol de la sialato O-acetilesterasa codificada en fagos Stx en la supervivencia y la virulencia de STEC. Los objetivos específicos incluyen: analizar la presencia, la localización y la secuencia de sialato O-acetilesterasas codificadas en genomas de diversos profagos Stx2, cuantificar su expresión bajo condiciones que inducen el ciclo lítico de fagos Stx, evaluar su participación en la interacción fago-bacteria, identificar agentes inhibidores de estas enzimas y determinar si interfieren en la infección de los fagos Stx2. Mediante distintos análisis bioinformáticos, determinamos que existe variabilidad en las secuencias *nanS-p* obtenidas de genomas de fagos y profagos Stx depositados en el GenBank, aunque todas comparten la misma localización genómica (inmediatamente río abajo de *stx*) y codifican para los mismos dominios. Observamos que aún fagos codificantes de un mismo subtipo de toxina Shiga (ej. Stx2a) pueden ser portadores de distintos subtipos de *nanS-p*. Actualmente, estamos finalizando los estudios de expresión de *nanS-p* en respuesta a la inducción del ciclo lítico de fagos Stx2a. Además, estamos trabajando en el clonado de esta enzima, la que una vez purificada nos facilitará el avance en los restantes objetivos del proyecto.

Palabras clave: STEC, bacteriófagos, genómica, silato O-acetilesterasa, virulencia