

(Formerly MENDELIANA)



December 2022
Volume XXXIII
Issue 2 (suppl.)
E-ISSN: 1852-6233

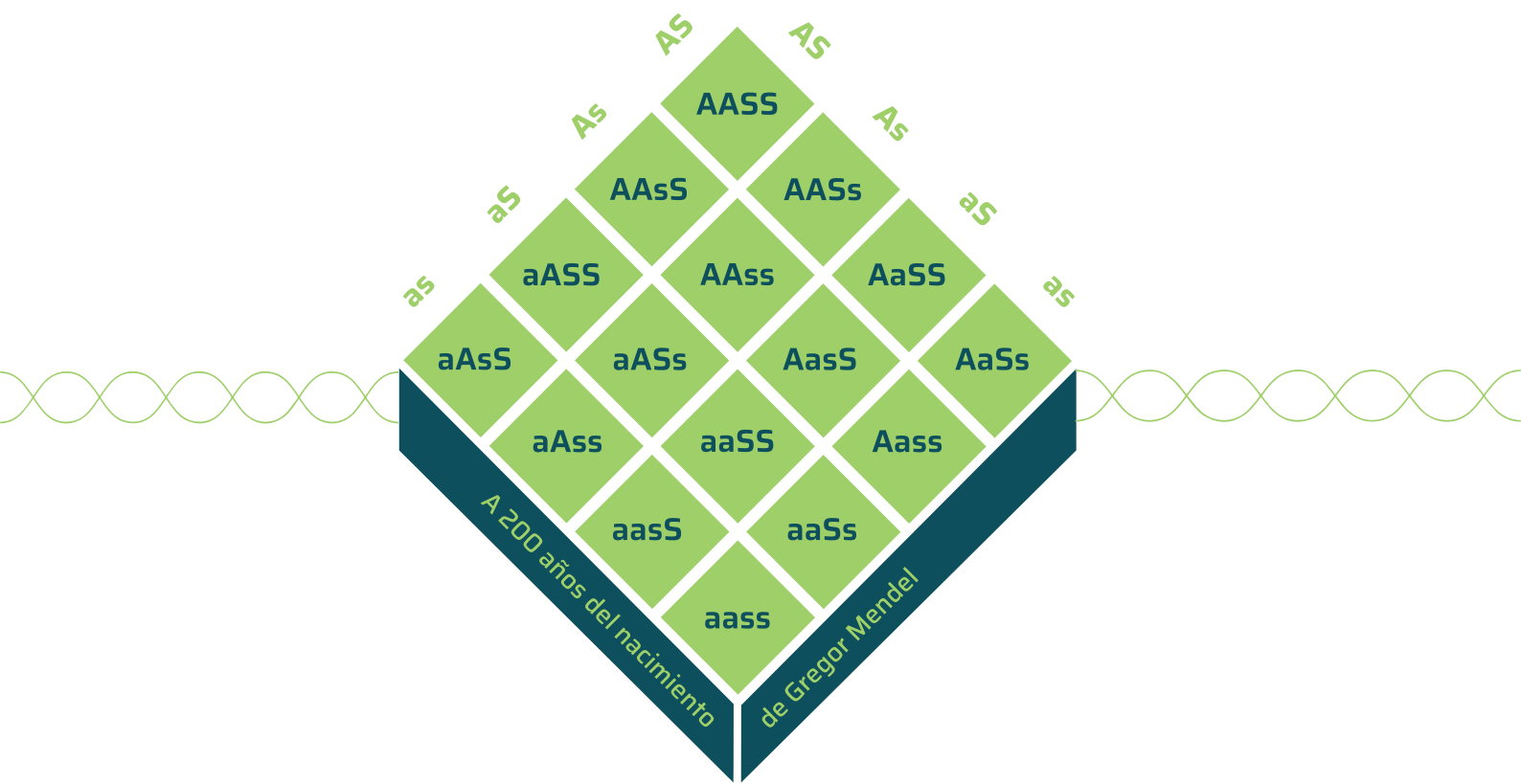
BAG

**Journal of Basic
& Applied Genetics**



Journal of the Argentine Society of Genetics
Revista de la Sociedad Argentina de Genética

www.sag.org.ar/jbag
Buenos Aires, Argentina



L CONGRESO ARGENTINO DE GENÉTICA



II JORNADAS REGIONALES SAG-NEA

2 al 5 de octubre de 2022

Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura. Universidad Nacional del Nordeste. Campus Deodoro Roca. Avenida Libertad 5460 - Corrientes.

Organizadores



SAG

Sociedad Argentina de Genética

GMO 3

PERFILES GENÉTICOS DE VIRULENCIA EN AISLAMIENTOS SIMPÁTRICOS DE *Streptococcus agalactiae* Lehmann and Neumann OBTENIDOS DE SERES HUMANOS Y DE BOVINOS

Hernández L., J.S. Cadona, E. Bottini, C. Cacciato, C. Monteavaro, F. Traverso, S. Altamiranda, A.V. Bustamante, A.M. Sanso. Laboratorio de Inmunoquímica y Biotecnología, CIVETAN, FCV-UNCPBA, Buenos Aires, Argentina. E-mail: lbhernandez@vet.unicen.edu.ar

Streptococcus agalactiae es un patógeno asociado a mastitis bovina. En el hombre, puede causar enfermedades severas en adultos mayores o inmunodeprimidos y la colonización en mujeres embarazadas es la principal causa de infección neonatal. El análisis comparativo de cepas de distintos orígenes genera gran interés debido a la posibilidad de transmisión interespecífica. La patogenia está relacionada a varios factores de virulencia, el polisacárido capsular que permite la clasificación en 10 serotipos, islas de *pilus* que median la adhesión y otros, relacionados con la colonización y evasión del sistema inmune. Nuestro objetivo fue comparar aislamientos simpátricos de *S. agalactiae* que circulan entre el ganado y el hombre. Se analizaron 149 aislamientos humanos (colonizadores e infectivos) y 65 de vacas con mastitis obtenidos en la región pampeana, entre 2016 y 2021. La serotipificación y detección de 12 genes de virulencia se realizó por PCR. Entre los aislamientos humanos se destacan los serotipos Ia (36%), III (31%) y Ib (19%); entre los bovinos, III (51%), II (35%) y Ia (8%). Los genes de virulencia *bac*, *scpB* y *lmb* no se detectaron en aislamientos bovinos mientras que *lmb*, *bca*, *rib* y *spb1* presentaron diferentes frecuencias en ambos grupos. La tipificación de *pilus* mostró que PI-1 y PI-2a estuvieron sólo en las cepas humanas mientras que PI-2b se detectó en ambos grupos. El análisis de agrupamiento reveló 51 perfiles de virulencia no compartidos entre cepas de ambos orígenes. Este análisis proporciona evidencia de la coexistencia de dos subpoblaciones de *S. agalactiae*.

GMO 4

CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE *Escherichia coli* ENTEROTOXIGÉNICA EN NIÑOS CON DIARREA ATENDIDOS EN DOS HOSPITALES DE BUENOS AIRES, ARGENTINA

Molina N.B., S. Oderiz, C. Vescina, M. Cordoba, J. Basualdo, M. Sparo. Universidad Nacional de la Plata, Buenos Aires, Argentina. E-mail: nbmolina@med.unlp.edu.ar

Escherichia coli enterotoxigénica (ETEC) es un agente etiológico de diarrea frecuente en niños de países en desarrollo. Este patotipo o variante patogénica se caracteriza por la producción de la toxina termolábil (LT) y/o la toxina termoestable (ST) con sus variantes (STP y STH). El diagnóstico etiológico de la infección con ETEC depende de la detección molecular de los genes de las toxinas. Sin embargo, en Argentina, la presencia de ETEC no se investiga de manera sistemática en casos de diarrea. El objetivo fue estimar la frecuencia de infección de ETEC en niños con diarrea, atendidos en hospitales de Tandil y La Plata, Argentina, durante 2016-2018. El diseño fue observacional, descriptivo, prospectivo y de corte transversal. El protocolo fue aprobado por Comité de Bioética, UNLP. La presencia de ETEC se investigó mediante la amplificación molecular de genes de toxinas (Molina *et al.*, 2022). Las cepas control fueron *E. coli* KNH-172 (LT y STP) y *E. coli* O126-53 (STH). Se estudiaron 601 niños con diarrea. La edad promedio fue tres años y cinco meses. La frecuencia de infección con ETEC fue 2,3% (14/601). La toxina LT fue prevalente (85,7%, 12/14). La distribución de genes fue LT (9/14), LT+STP (3/14), STP (1/14) y STH (1/14). Este estudio demostró la presencia de ETEC en niños con diarrea. La frecuencia de infección con ETEC alcanzó 2,3% y las cepas caracterizadas presentaron uno o dos genes de toxinas. Futuros trabajos más extensos que incluyan distintas regiones serán necesarios para establecer la relevancia de la infección con ETEC en la población pediátrica de Argentina.