



ASOCIACIÓN LATINOAMERICANA  
DE NEFROLOGÍA PEDIÁTRICA

ARCHIVOS LATINOAMERICANOS DE  
**NEFROLOGÍA  
PEDIÁTRICA**

Órgano oficial de la Asociación  
Latinoamericana de Nefrología Pediátrica

Miembro de la INTERNATIONAL PEDIATRIC NEPHROLOGY ASSOCIATION (IPNA)

## ÍNDICE

Editorial

Ramón Exeni ..... 3

**PRIMER SIMPOSIO ARGENTINO DE ESCHERICHIA COLI  
PRODUCTOR DE TOXINA SHIGA RESPONSABLE DEL  
SÍNDROME URÉMICO HEMOLÍTICO**

*20 al 22 de abril de 2022*

LIBRO DE RESÚMENES..... 4

**REGLAMENTO DE PUBLICACIONES** ..... 60



ASOCIACIÓN  
LATINOAMERICANA DE  
NEFROLOGÍA PEDIÁTRICA  
Miembro de la  
INTERNATIONAL  
PEDIATRIC NEPHROLOGY  
ASSOCIATION (IPNA)

## Consejo Directivo

### Secretario General

Melvin Bonilla (Puerto Rico)

### Secretaria Tesorera

Nilka De Jesús Gonzalez (Puerto Rico)

### Ex-Secretaria General

Vera Koch (Brasil)

### Secretario General Electo

Francisco Cano (Chile)

## SECRETARIOS ASISTENTES

### Zona 1:

México, Centroamérica y Caribe

Judith Exanthus (Haiti)

Yolanda Fuentes (México)

### Zona 2:

Venezuela, Colombia, Ecuador, Perú, Bolivia

Marcos Saldaña (Bolivia)

Peter Hualipa (Perú)

### ZONA 3:

Paraguay, Uruguay, Brasil, Argentina, Chile

Laura Alconcher (Argentina)

Felipe Cavagnaro (Chile)

### Representantes ante IPNA

Francisco Cano (Chile)

Florencio Mc Carthy (Panama)

Jaime Restrepo (Colombia)

Nilzete Liberato Bresolin (Brasil)

### Editor Jefe de la Revista Archivos

Latinoamericanos de Nefrología Pediátrica

Ramón Exeni (Argentina)

### Presidente del Congreso ALANEPE 2020

Mara Medeiros (México)

Edición digital.

Registro de la Propiedad Intelectual: 329.386.

Los trabajos y opiniones que se publican en

Archivos Latinoamericanos de Nefrología Pediátrica

son de exclusiva responsabilidad de los autores.

Todos los derechos reservados. Ninguna parte de esta publicación puede ser reproducida o transmitida en ninguna forma y por ningún medio digital, mecánico, de fotocopia, grabación u otros, sin permiso previo escrito de la Asociación Latinoamericana de Nefrología Pediátrica.

**IDEOGRAFICA**  
SERVICIOS EDITORIALES

ideografica1988@gmail.com

# ARCHIVOS LATINOAMERICANOS DE NEFROLOGÍA PEDIÁTRICA

Órgano oficial de la Asociación  
Latinoamericana de Nefrología Pediátrica

## Editor Responsable

Ramón Exeni (Argentina)

## Coeditores

Carlos Saieh Andonje (Chile)

Francisco Cano (Chile)

Maria Goretti Penido (Brasil)

Mara Medeiros Domingo (México)

## Comité Editorial

Adragna, Marta (Argentina)

Alconcher, Laura (Argentina)

Alvarez Elías, Catalina (México)

Baez Mendez de Ladoux, Diana (Paraguay)

Bonilla, Félix Melvin (Puerto Rico)

Bresolin, Nilzete Liberato (Brasil)

Coccia, Paula (Argentina)

Cánepa, Carlos (Argentina)

Cavagnaro, Felipe (Chile)

De Jesús Gonzalez, Nilka (Puerto Rico)

Exeni, Andrea Mariana (Argentina)

Exeni, Claudia Elena (Argentina)

Ferraris, Jorge (Argentina)

Florentín de Merech, Leticia (Paraguay)

Florín, José (Cuba)

Freire Valencia, Oswaldo (Ecuador)

Freundlich, Michael (USA)

Gajardo Zurita, Macarena (Chile)

García Druck, Clotilde (Brasil)

Gastelbondo Amaya, Ricardo (Colombia)

Gordillo, Berta Blum de (México)

Grimoldi, Irene (Argentina)

Grünberg, José (Uruguay)

Higueras, Walter (Perú)

Koch, Vera (Brasil)

Lahoz, Marta (Argentina)

Lascurain de Arza, Ana (Paraguay)

Lima, Eleonora (Brasil)

López, Michelle (Venezuela)

Madrigal, Gilbert C. (Costa Rica)

Martini, Rodolfo (Argentina)

Medeiros Domingo, Mara (México)

Mejía, Natalia (Colombia)

Mendoza de Herman, Gladis (Guatemala)

Miceli, Susana (Argentina)

Monteverde, Marta (Argentina)

Mora Muñoz, Alejandra (México)

Muñoz Arispe, Ricardo (México)

Orta Sibú, Nelson (Venezuela)

Pinto, Viola (Chile)

Rahman, Ricardo (Argentina)

Rebori, Anabella (Uruguay)

Restrepo, Consuelo (Colombia)

Restrepo, Jaime (Colombia)

Reyner, Loza (Perú)

Rodríguez Iturbe, Bernardo (Venezuela)

Sakihara Asato, Graciela (Perú)

Saldaña, Marcos (Bolivia)

Salusky, Isidro (USA)

Sandoval Díaz, Mabel (Nicaragua)

Santiago, Adriana (Argentina)

Urdaneta, Eliexer (Venezuela)

Valles, Patricia (Argentina)

Vásquez, Luis (Argentina)

Vázquez, Aida (Argentina)

Velasco Suárez, María (Uruguay)

Velásquez Jones, Luis (México)

Viard, Verónica (Argentina)

Verocay, Cristina (Uruguay)

Wainsztein, Raquel (Argentina)



ASOCIACIÓN LATINOAMERICANA  
DE NEFROLOGÍA PEDIÁTRICA

ISSN 1667-4170

ARCHIVOS LATINOAMERICANOS DE  
**NEFROLOGÍA  
PEDIÁTRICA**

Órgano oficial de la Asociación  
Latinoamericana de Nefrología Pediátrica

Miembro de la INTERNATIONAL PEDIATRIC NEPHROLOGY ASSOCIATION (IPNA)

## ÍNDICE

Editorial

Ramón Exeni ..... 3

**PRIMER SIMPOSIO ARGENTINO DE ESCHERICHIA COLI  
PRODUCTOR DE TOXINA SHIGA RESPONSABLE DEL  
SÍNDROME URÉMICO HEMOLÍTICO**

20 al 22 de abril de 2022

LIBRO DE RESÚMENES..... 4

**REGLAMENTO DE PUBLICACIONES** ..... 60

como a la colonización y proliferación de microorganismos patógenos. Nuestro objetivo fue comparar la MI de niños argentinos infectados por STEC que habían desarrollado Síndrome Urémico Hemolítico (SUH) con los que solo habían presentado diarrea. Se recogieron 69 muestras de heces diarreicas de pacientes infectados por STEC, de los cuales 49 desarrollaron SUH y 20 sólo presentaron diarrea con sangre. También se analizaron 2 individuos control colonizados y sin sintomatología. Se extrajo el ADN total de las heces y se determinó la composición bacteriana mediante amplificación y secuenciación masiva de las regiones V3-V4 (16S ADNr) utilizando la plataforma MiSeq (Illumina). El análisis bioinformático se realizó con QIIME2, y la abundancia diferencial se evaluó mediante el análisis discriminante lineal del tamaño del efecto (LEfSe). Tras realizar el filtrado de calidad y la asignación taxonómica mediante SILVA, las 71 muestras rindieron un total de 5,289,912 lecturas pertenecientes a 2575 amplicon sequence variants (ASVs). Los índices de alpha diversidad Shannon y Faith-PD fueron comparables en los 3 grupos (diarrea, SUH y control colonizado), por lo que no es necesario una destrucción del ecosistema intestinal para que ocurra la infección. El análisis estadístico de la beta-diversidad demostró que los controles sanos tenían menor abundancia de *E. coli*/*Shigella*, mientras que lo que diferenció el grupo de diarrea respecto de SUH fue la mayor proporción de *Bifidobacterium*, *Erysipelotrichaceae*, *Rombustia*, *Dorea*, *Lactococcus*, *Dysgonomonas*, y *Fusicanibacter*. Podemos concluir que la infección por *E. coli* productora de toxina Shiga no requiere una desestructuración previa de la MI, pero existe una variación en la composición bacteriana en personas que desarrollan SUH respecto de las que solo tienen diarrea, siendo *Bifidobacterium* el género con mayor significancia estadística por su menor abundancia en SUH. Mediante estas aproximaciones experimentales podremos avanzar por primera vez en el conocimiento en esta cohorte de pacientes, acerca de la correlación de la infección por STEC con la MI en niños argentinos.

### COMPARACIÓN GENÓMICA DE CEPAS DE *ESCHERICHIA COLI* PRODUCTORA DE TOXINA SHIGA O157:H7 DE DISTINTOS ORÍGENES

**COLELLO R<sup>1</sup>, DEL CANTO F<sup>2</sup>, GONZÁLEZ J<sup>1</sup>, VÉLEZ MV<sup>1</sup>, SPARO M<sup>3</sup>, ETCHEVERRÍA A<sup>1</sup>, PADOLA NL<sup>1</sup>.**

1. Laboratorio de Inmunoquímica y Biotecnología, Centro de Investigación Veterinaria de Tandil (CIVETAN), CONICET, CICPBA, Facultad de Ciencias Veterinarias, UNCPBA, Tandil. 2. Programa de Microbiología y Micología, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. 3. Laboratorio de Microbiología Clínica, Hospital Ramón Santamarina, Tandil. rocioc@vet.unicen.edu.ar

*Escherichia coli* productor de toxina Shiga (STEC) es un patógeno que ocasiona enfermedades graves como colitis hemorrágica y síndrome urémico hemolítico (SUH). STEC O157:H7 es el principal serotipo asociado a enfermedad humana en el mundo. Se ha observado una amplia variabilidad en cuanto a la presentación clínica de pacientes con infecciones por O157:H7. Los estudios de comparación genómica junto con la evaluación de genes que codifican factores de virulencia representan herramientas útiles para analizar la diversidad genética de STEC O157:H7. El objetivo de este estudio fue analizar y comparar genomas de STEC O157:H7 aisladas de medias reses bovinas y de un caso de SUH, y estudiar la relación entre estos aislamientos y los recolectados de bases de datos. Se analizaron secuencias genómicas de 2 cepas STEC O157:H7 aisladas en el mismo periodo. Una cepa fue aislada de medias reses bovinas y la otra cepa fue aislada de un caso de SUH. El paciente fue atendido en un hospital público de la provincia de Buenos Aires, Argentina. Se secuenció el ADN genómico utilizando la plataforma Illumina MiSeq y se utilizaron herramientas bioinformáticas para el análisis y comparación de cada genoma, tales como VirulenceFinder, RAST, BLAST, ORFfinder, Clustal Omega, Ugene y se caracterizaron los aislamientos mediante Multilocus Sequence Typing (MLST), con el esquema de Achtman, y mediante un análisis filogenético basado en SNP del core genoma, utilizando kSNP 3.1. En el genoma de la cepa aislada de media res bovina se encontraron los genes *stx2a*, *astA*, *eae*, *ehxA*, *espAB*, *DFJP*, *gad*, *iha*, *iss*, *katP*, *nleABC*, *ompT*, *tccP*, *terC*, *tir*, *toxB*. En la cepa aislada del caso de SUH se encontró la presencia de *stx2a+stx2d+stx2c*, *astA*, *chuA*, *eae*, *ehxA*, *espAB*, *DFJP*, *gad*, *iha*, *iss*, *katP*, *nleABC*, *ompT*, *terC*, *tir* y *toxB*. Ambas cepas pertenecían al filogrupo E y al clado 8. En relación al alelo *tir* 255 ambas cepas presentaron el alelo T. Los aislamientos fueron asignados al ST internacional ST11 pero no se agruparon en el mismo clúster de acuerdo al análisis filogenético. No se observó clonalidad con otros 31 aislamientos STEC O157:H7 descargados de bases de datos. Los resultados obtenidos nos permiten observar que ambos aislamientos STEC O157:H7 pertenecen al filogrupo *E. coli*, clado 8 hipervirulento y portadores del alelo *tir* 255 T >AT, consideradas por su perfil como cepas con una incrementada virulencia. A su vez, pudimos observar que las cepas no son clonales, lo que está en línea con recientes estudios que han demostrado que el genoma de STEC puede ser influenciado por el lugar de aislamiento, por la plasticidad genómica, y por la adquisición de factores de virulencia, lo que permitiría la evolución de una población STEC

en una región definida. La presencia en los alimentos de cepas O157:H7 con características similares a las cepas que causan enfermedades en humanos podría explicar en parte la alta incidencia de SUH en Argentina.

## AVANCES EN SECUENCIACIÓN DE GENOMA COMPLETO PARA LA VIGILANCIA DE *ESCHERICHIA COLI* PRODUCTOR DE TOXINA SHIGA EN ARGENTINA

**CARBONARI CC<sup>1</sup>, ZOLEZZI G<sup>1</sup>, MILIWEBSKY E<sup>1</sup>, DEZA N<sup>1</sup>, CAMPOS J<sup>2</sup>, POKLEPOVICH T<sup>2</sup>, MANFREDI E<sup>1</sup>, BASCHKIER A<sup>1</sup>, GULONE L<sup>1</sup>, GHIGLIONE B<sup>1</sup>, RIVAS M<sup>1</sup>, CHINEN I<sup>1</sup>.**

1. Servicio Fisiopatogenia. Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas-ANLIS "Dr. Carlos G. Malbrán". 2. Unidad de Genómica y Bioinformática. ANLIS "Dr. Carlos G. Malbrán". ccarbonari@anlis.gob.ar

La Secuenciación de Genoma Completo (SGC) es una metodología innovadora que revolucionó las ciencias biomédicas. Su aplicación al diagnóstico y vigilancia de *Escherichia coli* productor de toxina Shiga (STEC) representa un aporte contundente y un desafío para su implementación en la rutina. El objetivo del presente trabajo es describir los avances en la implementación de SGC en el Laboratorio Nacional de Referencia (LNR), y los aportes al diagnóstico, caracterización, investigación de brotes y vigilancia de STEC. Se comenzó aplicando la SGC en el marco del Proyecto Piloto Genome-Trakr OMS-FDA, lográndose la capacidad instalada para laboratorio y análisis informático. La SGC se realizó utilizando Qiacube (Qiagen) para la extracción de ADN y la plataforma MiSeq (Illumina) con lecturas de 2x250pb, siguiendo los protocolos de Genome-Trakr/NCBI para el monitoreo global (NCBI-PRJNA282762). El flujograma de análisis incluye: FastQC (calidad), Kraken (Identificación), Unicycler (ensamblaje), Prokka (anotación), Lyveset (relación filogenética), Roary (análisis de Pangenome), ARIBA/srst2 (virulencia/resistencia), MLST (Secuenciotipo), iPCRess (PCR in silico). Etapa 1– Validación: se analizaron 94 cepas STEC O157 (n=73), no-O157 (n=21, O145:H28, O121:H19, O103:H2, O26:H19, O91:NM, O8:H19, O113:H19 y O22:H) y cepas del nuevo patotipo EAEC-stx (n=20; O59:H19; ONT:H4). Los resultados-SGC del análisis de los genes utilizados para el diagnóstico stx/eae/ehxA correlacionaron en un 95%, 99% y 98% con los obtenidos por la metodología tradicional; y en un 85%, para serotipos y subtipos-stx. Respecto de la relación clonal, el árbol de SNP mostró estrecha similitud entre las cepas de brotes (<5 SNP de diferencia). Además, 62% de las cepas O157 fueron del clado 8 por PCR in silico (Riordan, 2008). Etapa 2–Desafío: 6/8 cepas ONT pudieron ser serotipificadas (genes *O*: wzm, wxt, wzx, wzy / genes *H*: fliC, flkA, fflA, flmA, flnA) mediante SGC como O8:H19, O15:H26, O163:H19, O171:H2, O174:H21, y se detectó un serogrupo "novel". Una cepa O157 stx-negativa y una cepa stx-NT por PCR (Scheutz, 2012) pudieron ser identificadas mediante SGC como stx-negativa y stx2a, respectivamente. Etapa 3–Implementación para el diagnóstico en tiempo real (1 semana): Del total de 59 muestras procesadas, se obtuvieron los siguientes serotipos/secuenciotipos: 38 O157:H7 (ST11/8343/novel), O157:H16 (ST10); 1 O103:H19 (ST1967); 1 O121:H19 (ST655); 1 O128:H2 (ST25); 4 O145:HNT (ST32); 1 O165:H25 (ST119); 8 O26:H11 (ST32/ST21/ST1573); 1 O91:H21 (ST2458); 4 ONT:HNT. Solo dos cepas O157:H7 presentaron los genes blaCTX-M-14 y fosA7. Las cepas pudieron ser caracterizadas para eae/ehxA y subtipos-stx. Adicionalmente, fue posible detectar otros genes como nleA, nleB y nleC, tccP, tir, astA, cdtB, efa1, espA/B/F/L/J/P, iha, ireA, iss, lpfA, subA que contribuyen a definir el potencial patogénico. Actualmente, se cuenta con una base de datos de SGC nacional (n=240). Como conclusión, SGC permitió resolver resultados de difícil definición por métodos tradicionales y brindó información, poco accesible por otros métodos, del contenido genómico. El aporte de SGC es contundente ya que es una técnica poderosa y de alta resolución, que en un solo ensayo, permite obtener los resultados en corto tiempo para el diagnóstico y la vigilancia en tiempo real, pudiendo dar respuestas a problemáticas de Salud Pública a nivel nacional y global.

## CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DEL RIESGO PARA HUMANOS DE CEPAS DE *ESCHERICHIA COLI* PRODUCTORAS DE TOXINA SHIGA RECUPERADAS DE CANALES BOVINAS

**MUSSIO P<sup>1</sup>, ULTRA S<sup>1</sup>, TRUJILLO L<sup>2</sup>, VÁZQUEZ, S<sup>3</sup>, NAVARRO A<sup>4</sup>, LEOTTA G<sup>5</sup>, BURGHI JM<sup>6</sup>, XAVIER MP<sup>6</sup>, MÉNDEZ C<sup>7</sup>, MASSA F<sup>8</sup>, ROVIRA P<sup>9</sup>, MAQUIEIRA AM<sup>1</sup>, MARTÍNEZ I<sup>10</sup>, LUZARDO S<sup>11</sup>, VARELA G<sup>3</sup>**

1. Laboratorio Tecnológico del Uruguay, Departamento de Microbiología, Montevideo, Uruguay. 2. Universidad de la República, Acuicultura

y Patología de Organismos Acuáticos, Facultad de Veterinaria, Montevideo, Uruguay. 3. Universidad de la República, Bacteriología y Virología, Facultad de Medicina, Montevideo, Uruguay. 4. Universidad Autónoma de México, Salud Pública, Medicina, DF México, México. 5. Instituto de Genética Veterinaria "Ing. Fernando N. Dulout" (UNLP-CONICET), Facultad de Ciencias Veterinarias, UNLP. 6. Instituto Nacional de Carnes, Gerencia de Contralor, Montevideo, Uruguay. 7. Ex integrante del Instituto Nacional de Carnes, Gerencia de Contralor, Rincón 545, 11000, Montevideo, Uruguay. 8. Universidad de la República, Instituto de Estadística, Facultad de Ciencias Económicas y de Administración, Montevideo, Uruguay. 9. Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria / INIA Treinta y Tres, Uruguay. 10. Latitud, Fundación LATU, Montevideo, Uruguay. 11. Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria / INIA Tacuarembó, Ruta 5 km. 386, Tacuarembó, Uruguay. paumussio@gmail.com