



La Facultad de Ciencias Veterinarias de la Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires, tiene el honor de organizar el II Simposio Nacional sobre *Escherichia coli* productor de toxina Shiga (STEC/VTEC) responsable del Síndrome Urémico Hemolítico (SUH).

Este evento científico de gran relevancia se llevará a cabo los días 16 y 17 de Mayo del 2024 en la ciudad de Tandil en el Centro Cultural Universitario (Yrigoyen 662) Buenos Aires, Argentina.

Además se llevará a cabo el Taller LACER "Avances en la investigación en *E. coli* patógenas en latinoamérica previo al Simposio, el día 15 de Mayo de 2024 en el Aula 7, Pabellón 3 del Campus Universitario, Tandil.

**LOS ORGANIZADORES DEL SIMPOSIO VTEC ARGENTINA 2024  
AGRADECEN EL APOYO DE LAS SIGUIENTES ENTIDADES**



se evidenció la diversidad de las cepas y su distribución según serotipo. Se estudiaron los patrones obtenidos por PFGE de 296/325 cepas con el programa Bionumerics (5.6). Además, se analizaron los dos serotipos más prevalentes mediante SNPs con el programa Snippy (4.6.0). Para ello, se seleccionó una cepa de referencia local representativa de la población en estudio. Estas mismas cepas se estudiaron por wg-MLST con el programa Bionumerics (7.6). Los resultados obtenidos por estas dos metodologías se compararon y mostraron muy buena correlación. Durante el período de estudio en el LNR, en 7/24 brotes se pudo recuperar STEC de los casos y de los contactos asociados. En el estudio de la relación clonal por la diferencia de SNPs, se pudo confirmar que en 6/7 brotes las cepas presentaban <5 SNPs de diferencia entre ellas, por lo que pudieron ser consideradas genéticamente parte de un mismo evento. Esto estuvo en concordancia con la diferencia de alelos (< a 5) obtenida mediante wgMLST. Por PFGE se obtuvo el mismo patrón de restricción de las cepas de 5/6 brotes. La discordancia observada con el PFGE puede deberse a la subjetividad del operador a la hora de interpretar los resultados obtenidos, siendo una desventaja de esta metodología. Por lo tanto, es fundamental para el LNR como responsable de la vigilancia de infecciones por STEC, utilizar las herramientas más apropiadas para poder conocer el potencial patogénico y la dinámica de la población circulante de nuestro país. Esto permite a su vez delinear nuevas estrategias de prevención y control de futuras infecciones por este patógeno.

**JULIANA GONZÁLEZ**

***Laboratorio de Inmunoquímica y Biotecnología (FCV-UNCPBA), Centro de Investigación Veterinaria de Tandil (CIVETAN-CONICET-UNCPBA)***

**julianag@vet.unicen.edu.ar**

**IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE SUBTIPOS DE VTEC O157:H7 AISLADOS DE RESERVORIOS, ALIMENTOS Y CASOS CLÍNICOS**

*Escherichia coli* verotoxigénico (VTEC) O157:H7 es el serotipo mayormente involucrado en los casos de enfermedad en el mundo, y en Argentina, también el más frecuentemente asociado al síndrome urémico hemolítico (SUH). Sin embargo, no todos los aislamientos de O157:H7 tienen la misma capacidad de infectar y de causar enfermedad. Desde el Laboratorio de Inmunoquímica y Biotecnología de la Facultad de Cs. Veterinarias (UNCPBA) hemos planteado como uno de nuestros objetivos caracterizar la diversidad genética de VTEC O157:H7 de distintos orígenes, e identificar subtipos asociados a patogenicidad y virulencia. Para ello, se emplean distintos métodos de subtipificación molecular y se analiza la presencia de genes relacionados con virulencia. En un estudio, caracterizamos 43 aislamientos VTEC O157:H7 obtenidos de ganado bovino, seres humanos y alimentos de la región pampeana de Argentina. El 98% de ellos pertenecieron al linaje I/II. El 100% presentó el alelo del SNP (8\_ *rhsA*) relacionado al clado 8, uno de los identificados como más virulentos. Un alto porcentaje de aislamientos presentó en alelo *tir* 255 T>A T, asociado también a hipervirulencia, y fue asignado al filogrupo E. Según el MLVA se encontró una amplia diversidad genética. Demostramos que las cepas de la región pampeana de Argentina son un grupo filogenéticamente homogéneo que presenta diversidad genética en relación a sus perfiles MLVA y de genes *nle* (efectores no codificados en LEE). La pertenencia de los aislamientos al clado hipervirulento 8 y al linaje I/II, la alta prevalencia del alelo *tir* 255 T>A T y de genes de factores putativos de virulencia, permitió asignar a la mayoría de las cepas O157:H7 de esta región un alto riesgo para la salud pública y explican, en parte, porqué Argentina es el país con la incidencia más alta de SUH en el mundo. En otro trabajo, comparamos la diversidad genética de 76 cepas VTEC O157:H7 aisladas de casos de SUH

de Argentina y Chile. Nuevamente observamos la circulación casi exclusiva de aislamientos pertenecientes al linaje I/II, asociado a cepas hipervirulentas, y al filogrupo E. Se han postulado una serie de características relacionadas con la alta incidencia o gravedad de las infecciones por VTEC O157, como la pertenencia al linaje I/II y la presencia del supuesto factor de virulencia ECSP\_3286. Sin embargo, estos no fueron suficientes para diferenciar las cepas argentinas y chilenas en este estudio. El único marcador que se distribuyó de manera significativamente diferente fue ECSP\_2687, el cual codifica una proteína que reduce la expresión de citoquinas. Los métodos de subtipificación molecular nos permitieron ampliar el conocimiento sobre la estructura poblacional e identificar características de virulencia presentes en las cepas estudiadas, generando datos útiles para la evolución de este grupo.

## POSTERS

### **P1 NUEVO ALGORITMO, PARA LA DETECCIÓN RÁPIDA DE STEC O157:H7 UTILIZANDO LA PLATAFORMA MALDI-TOF MS**

**MANFREDI E<sup>1</sup>, ROCCA MF<sup>1</sup>, DANZE D<sup>2</sup>, GENTILUOMO J<sup>1</sup>, MILIWEBSKY E<sup>1</sup>**  
**<sup>1</sup>INEI-ANLIS “Dr. Carlos G. Malbrán”. <sup>2</sup> ReNaEM, Buenos Aires Argentina.**  
***emanfredi@anlis.gob.ar***

Recientemente, la tecnología de espectrometría de masas (MALDI-TOF MS) utiliza el análisis de picos biomarcadores (PB) para discriminar especies estrechamente relacionadas. Para la detección rápida de STEC O157:H7 ya se han definido PB utilizando los equipos Microflex LT (Bruker Daltonics). Sin embargo, para MS existe otra plataforma: VITEK MS PRIME (VMSP, Biomerieux) que podría ser utilizada para ese fin. El objetivo de este trabajo fue evaluar en el equipo VMSP, el desempeño del algoritmo anteriormente desarrollado para la detección STEC O157:H7 con MF-Bruker Daltonics. Se utilizaron espectros de PB obtenidos de cepas previamente caracterizadas: STEC O157:H7 (n=86), *E.coli* de diferentes patotipos: EPEC (n=13), ETEC (n=10), EIEC (n=6), EAEC (n=13), O157 no toxigénicas (n=9) y STEC no-O157 de diferentes serotipos (n=26), y 15 cepas de *Shigella* spp: *flexneri1*, *flexneri2*, *flexneri6*, *dysenteriae1*, *dysenteriae2*, *boydii* y *sonneii*. Se utilizó la biblioteca IVD para corroborar la identificación y la base de datos RUO para la búsqueda de PB ya previamente definidos para la detección de STEC O157:H7 utilizando Bruker (3017m/z, 3083m/z, 3595m/z, 3770m/z, 4012m/z, 4939m/z, 5238m/z 6037m/z, 6169m/z, 9060m/z). A partir de una colonia bacteriana, se realizó la búsqueda de esos PB. La presencia de esos picos, de baja intensidad (<2000000) en otras *E. coli* no permitió aplicar el mismo algoritmo. Paralelamente para la detección de STEC O157:H7 con VMSP se hallaron PB entre 10163-10168 m/z y 5234-5238 m/z, además de la presencia de tres o más PB definidos para Bruker El resto de *E.coli* / *Shigella* presentaron PB entre 10137-10142 m/z, 5229-5232 m/z y presencia de 9060 m/z y generalmente menos de dos de los otros PB. Con las diferencias halladas en los espectros obtenidos al utilizar diferentes softwares, se desarrolló un nuevo algoritmo para VSMP, con el que se logró identificar STEC O157:H7 en el 99% de los aislados.

### **P2 EVALUACIÓN DE CURVAS DE CRECIMIENTO DE CEPAS STEC EN CONDICIONES QUE SE ASEMEJAN AL TUBO INTESTINAL BOVINO Y HUMANO**

**CAETANO A<sup>1</sup>, MUÑOZ C<sup>1</sup>, BERASAIN P<sup>2</sup>, VÁZQUEZ S<sup>1</sup>, VARELA G<sup>1</sup>**