



Journal of Basic & Applied Genetics

(Formerly MENDELIANA)

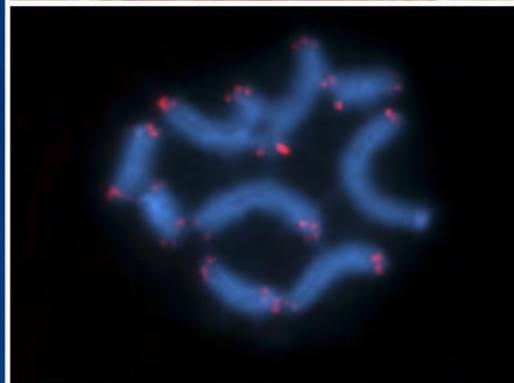
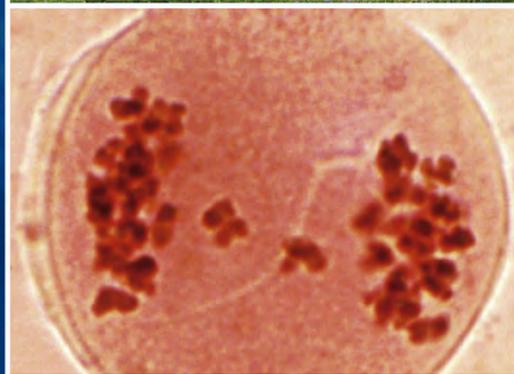
JOURNAL OF THE ARGENTINE SOCIETY OF GENETICS
REVISTA DE LA SOCIEDAD ARGENTINA DE GENÉTICA

Proceedings
XLIV ARGENTINE CONGRESS OF GENETICS

Actas
XLIV CONGRESO ARGENTINO DE GENÉTICA

Cited by
BIOLOGICAL ABSTRACTS
GENETICS ABSTRACTS
SISTEMA LATINDEX
THOMSON REUTERS
SCOPUS

Included in **SciELO**



ACTAS



XLIV CONGRESO ARGENTINO DE GENÉTICA

13 al 16 de septiembre de 2015
Hotel 13 de Julio
MAR DEL PLATA - ARGENTINA

la plasticidad genómica de SAMR que hemos puesto en evidencia utilizando antibióticos de otras familias.

EXPRESIÓN DE LA TOXINA SHIGA POR CÉLULAS EUCARIOTAS Y SUS IMPLICANCIAS EN EL SÍNDROME URÉMICO HEMOLÍTICO

Del Cogliano M.E.¹, M.F. Bilen¹, M. Martinez², P. Maffia², M.S. Palermo³, L.C. Ferreira⁴, P.D. Ghiringhelli¹, L.V. Bentancor¹.

¹LIGBCM-Universidad Nacional de Quilmes, Argentina.

²Laboratorio de Microbiología molecular, Universidad Nacional de Quilmes, Argentina. ³Instituto de Medicina Experimental-CONICET-Academia Nacional de Medicina, Bs. As., Argentina.

⁴Laboratorio de desarrollo de vacunas, Universidad de San Pablo, Brasil.

E-mail: lbentan@unq.edu.ar

La infección con *E. coli* productor de toxina Shiga (Stx) (STEC) que causa colitis hemorrágica es un serio problema de salud pública. En algunos casos, la colitis lleva al desarrollo del Síndrome Urémico Hemolítico (SUH). La toxina Stx es el agente causal indispensable para el desarrollo del SUH. Hemos encontrado *in silico* que las regiones promotoras de ambas subunidades tienen fragmentos con alta homología a secuencias promotoras de genes eucariotas. Se realizaron ensayos *in vitro* e *in vivo* los cuales demostraron que las células eucariotas son capaces de reconocer los promotores de Stx y expresar toxina biológicamente activa. Este resultado sugiere que las propias células del huésped podrían ser fuentes alternativas de producción de Stx. Debido a que Stx se encuentra codificada en el genoma del bacteriófago lisogénico 933W presente en el genoma de *E. coli* O157:H7, actualmente estamos enfocados en el estudio del rol del bacteriófago en las infecciones con STEC y evaluándolo como potencial *target* terapéutico. Hemos observado que el bacteriófago es capaz de ser internalizado por células eucariotas y expresar proteínas que se encuentren bajo el control de promotores de tipo eucariota. Estudiando al bacteriófago como nuevo blanco, hemos buscado compuestos con actividad antibacteriofágica y encontramos que el bacteriófago es inactivado por quitosan y por ciertos péptidos antibacterianos. Estos hallazgos aportan una nueva mirada en los mecanismos patogénicos durante las infecciones por STEC con implicancias directas sobre el desarrollo de tratamientos preventivos frente al SUH.

MÉTODOS DE SUBTIPIFICACIÓN MOLECULAR PARA ESTABLECER RELACIONES GENÉTICAS EN *Escherichia coli* VEROTOXIGÉNICO

Sanso A.M.¹, A.V. Bustamante¹. ¹Laboratorio de Inmunquímica y Biotecnología, Centro de Investigación Veterinaria de Tandil (CIVETAN), CONICET y Fac. de Ciencias Veterinarias, UNCPBA, Tandil.

E-mail: msanso@vet.unicen.edu.ar

Escherichia coli verotoxigénico (VTEC) puede causar enfermedades graves como síndrome urémico hemolítico (SUH). Argentina posee la mayor incidencia a nivel mundial de SUH, como también una alta prevalencia de VTEC en bovinos y alimentos. Si bien hay serotipos que han sido mayormente asociados a enfermedad, actualmente se sabe que existen subpoblaciones con diferente capacidad de enfermar. La clasificación de serotipos VTEC utilizando métodos filogenéticos ha mostrado que algunos se agrupan de acuerdo a su impacto en salud pública. Uno de estos métodos es la tipificación de secuencias de múltiples loci (MLST) que permite definir líneas clonales relativamente estables. Datos preliminares nos revelan nuevos STs (*sequence types*) entre las cepas de Argentina. Por otro lado, los polimorfismos de nucleótidos simples (SNPs) también se han aplicado en VTEC, especialmente para estudiar la estructura poblacional del serotipo O157:H7. El MLST y los SNPs pueden ser muy útiles para inferir relaciones filogenéticas entre las cepas circulantes y para compararlas con las del resto del mundo y así evaluar el riesgo molecular para la salud pública. Por otro lado, el análisis de múltiples loci VNTRs (MLVA) es adecuado para estudios epidemiológicos debido a la alta tasa de mutación de estos marcadores. Muchos serotipos (O157:H7 y no-O157:H7) han sido subtipificados por primera vez por MLVA en nuestro laboratorio. Se discutirá la aplicación de cada uno de estos métodos de subtipificación para estudiar las relaciones genéticas en VTEC, en base a los resultados obtenidos en nuestro grupo.