Supl. 1
VOL 42
2010

REVISTA ARGENTINA DE
MICROBIOLOGÍA

PUBLICACIÓN
DE LA
ASOCIACIÓN ARGENTINA
DE
MICROBIOLOGÍA

XII CONGRESO ARGENTINO DE MICROBIOLOGÍA

**VI CONGRESO DE LA SOCIEDAD ARGENTINA DE
BACTERIOLOGÍA, MICOLOGÍA Y PARASITOLOGÍA
CLÍNICA (SADEBAC)**

**I CONGRESO DE MICROBIOLOGÍA AGRÍCOLA Y
AMBIENTAL (DiMAyA)**

17 al 20 de octubre de 2010
Palais Rouge

Jerónimo Salguero 1433/49 (C1177AFA)
Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

CIAL, BUENO, DANTE JAVIER (1); SÓRIA, MARIO ALBERTO(1); TERRAGNO, RAQUEL(2)

(1) EEA INTA C. Uruguay, (2) Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas-ANLIS "Carlos G. Malbrán"

En nuestro país la tifosis aviar, causada por *Salmonella Gallinarum*, es una enfermedad frecuente en gallinas ponedoras y como profilaxis se utiliza una vacuna viva con la cepa *S. Gallinarum* 9R, cepa caracterizada por la ausencia de lipopolisacárido y rugosa por la prueba de acriflavina. Es la única vacuna de tipo viva aprobada en el país para su uso en aves. A pesar que se ha informado una posible reversión de la cepa de esta vacuna, no se conocen las posibles interacciones de distintas serovariedades de *Salmonella* en los brotes por esta bacteria en las aves. El objetivo de este trabajo fue estudiar distintos brotes de tifosis aviar ocurridos en aves de postura vacunadas con la cepa *S. Gallinarum* 9R. Se tomaron dos granjas de la provincia de Córdoba con un diagnóstico clínico de tifosis aviar. De la granja A, ubicada en Dean Funes, se muestrearon 2 galpones y de la granja B, ubicada en Avellaneda, se muestreó 1 galpón. En ambas granjas se tomaron muestras para el aislamiento de *Salmonella* a partir de excretas, hisopado cloacal, alimento balanceado, pool de órganos, maples, huevos y médula ósea de patas de aves muertas. Las muestras se incubaron en un medio de enriquecimiento, caldo de enriquecimiento selectivo, y siembra en medios de cultivo selectivos. Además se muestreó el aire de los galpones por exposición a medios selectivos-diferenciales. En todos los casos, las colonias sospechosas de *Salmonella* spp. se caracterizaron bioquímicamente, y las estructuras antigénicas se determinaron mediante antisueros somáticos y flagelares. Se realizó el antibiograma de las cepas aisladas por el método de difusión en placa, empleando monodiscos de los siguientes antibióticos: ampicilina, enrofloxacin, trimetoprima-sulfametoxazol, kanamicina, colistin sulfato, tetraciclina, gentamicina, eritromicina (E), amoxicilina-clavulánico, fosfomicina, y florfenicol. Además, se tomaron muestras de sangre de 10 aves por galpón. Se obtuvieron los sueros y se procesaron para la detección de anticuerpos contra *Mycoplasma synoviae*, *Mycoplasma gallisepticum* y *S. Gallinarum*-S. Pullorum, utilizando reactivos comerciales, mediante la prueba de aglutinación rápida en placa (ARP). Ambas granjas resultaron negativas a infección por *Mycoplasma*. De la granja A se aislaron *S. Gallinarum* (rugosa) de la médula ósea de las patas de las aves del galpón 1 y *S. Anatum* del alimento y *S. Muenster* del aire del galpón 2. La infección de *Salmonella* por ARP sólo se detectó en el galpón 1. Del único galpón muestreado en la granja 2, se aisló *S. Gallinarum* (rugosa) de hígado y bazo de aves muertas y *S. Lexington* del alimento. Todas las cepas aisladas resultaron sensibles a la mayoría de los antibióticos ensayados, pero resistentes a E. El aislamiento de cepas de *S. Gallinarum* compatibles con la cepa vacunal demuestran translocación en órganos o septicemia en brotes de tifosis aviar y pone en duda la eficacia de ese inmunógeno. Por otro lado, la variedad de serotipos de *Salmonella* encontrados en los alimentos de uso avícola y hasta en el aire del galpón es un llamado de alerta a las posibles fuentes de contaminación para fortalecer las medidas de control de este patógeno de manera de disminuir los efectos del mismo sobre la salud de las aves.

P443 - 27746 SEROTIPOS Y FACTORES DE VIRULENCIA DE *Escherichia coli* VEROCITOTOXIGÉNICO (VTEC) Y ENTEROPATOGÉNICO (EPEC) EN MUESTRAS DE POLLO. ALONSO, MZ(1,2); IRINO, K(4); SANZ, ME(1); LUCCHESI, PMA(1,2); PADOLA, NL(1,3); PARMA, AE(1,3)

(1) Lab. Inmunoquímica y Biotecnología. FCV. UNCPBA. (2) CONICET. (3) Comisión de Investigaciones Científicas PBA 4- Instituto Adolfo Lutz

Introducción. VTEC produce colitis hemorrágica y síndrome urémico hemolítico. El principal factor de virulencia son las verocitotoxinas codificadas por los genes *vt1* y *vt2*. Dentro de *vt2* existen numerosas variantes, entre ellas la *vt2f* que se ha identificado principalmente en aves. EPEC produce diarrea infantil se-

vera, especialmente en los países en desarrollo. Se caracteriza por la capacidad de producir lesiones A/E ("attaching and effacing") provocando la adherencia íntima de la bacteria a la célula huésped, mediante la intimina (codificada por el gen *eae*), el borrado de las microvellosidades del enterocito y la formación de un pedestal, características que son compartidas con algunas VTEC. EPEC se subdivide en dos grupos según la presencia del plásmido EAF ("EPEC adherence factor") el cual se encuentra en las cepas típicas, mientras que está ausente en las atípicas. Éste codifica los genes para la producción de fimbrias denominadas BFP ("bundle-forming pilus") que participarían en la adherencia inicial bacteria-enterocito. Objetivo. El objetivo de este trabajo fue caracterizar geno-fenotípicamente cepas VTEC y EPEC de muestras de pollo e hisopados de cloacas, tomadas en diferentes bocas de expendio y criaderos. Materiales y métodos: Se caracterizaron 39 cepas de VTEC y EPEC aisladas de hamburguesas de pollo, menudos, carcasas y cloacas. Se emplearon una PCR multiplex para la detección de los genes de virulencia *vt1*, *vt2*, *eae*, *exhA* y *saa*, y PCRs monoplex para la detección de *vt2f* y *bfp*. La serotipificación se realizó mediante aglutinaciones en placa y en tubo. Resultados: Los aislamientos VTEC de hamburguesas de pollo presentaron los siguientes perfiles geno-fenotípicos: *vt2* (O117:H7, O153:H28, O160:H40, ONT:H- y ONT:H2), *vt2 exhA* (O91:H14), *vt2 saa exhA* (O113:H21), *vt2 vt1 saa exhA* (O130:H11) y el aislamiento proveniente de menudos fue *vt2* (ONT:H-). La variante *vt2f* identificada en aves, no se encontró en ninguna de las muestras. Las cepas-EPEC (*eae+*) aisladas de menudos pertenecieron a los siguientes serotipos (O2:H-, O40:H-, O40:H10, O136:H26, O166:H45, ONT:H-, ONT:H9, OR:H32), carcasas (O5:H-, O19:H11, O45:H8, OR:H32), cloacas (O8:H19, O40:H10, O103:H-, O119:H4, O130:H11, O153:H49) y hamburguesa de pollo (O40:H10). Ninguna de las cepas presentó el gen *bfp*. Conclusiones: La presencia de VTEC en hamburguesas de pollo, indicaría una posible contaminación cruzada en el lugar de expendio, ya que algunos serotipos (O113:H21, O117:H7, O130:H11, O91:H14) son compartidos con cepas VTEC de origen bovino aisladas previamente en esta región. Todas las cepas EPEC caracterizadas en este trabajo son atípicas (carecen del gen *bfp*). Entre ellas predominó el serotipo O40:H10 que se encontró en aislamientos provenientes de hamburguesas, menudos, y cloacas. El aislamiento de cepas EPEC previo a la faena (en cloacas) indicaría que el pollo podría ser reservorio de este patotipo.

P444 - 27807 SUBTIPIFICACIÓN DE CEPAS STEC NO-O157 AISLADAS DE CASOS CLÍNICOS ESPORÁDICOS Y DE GANADO BOVINO EN ARGENTINA. D ASTEK, B(1); PALLADINO, M(2); MILIWEBSKY, E(INEI-ANLIS MALBRAN); DEL CASTILLO, L(2); CHINEN, I(1); CARBONARI, C(1); DEZA, N(1); BASCHKIER, A(1); MANFREDI, E(1); MASANA, M(2); RIVAS, M(1)

(1) Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas-ANLIS "Carlos G. Malbrán", (2) ITA-CIA, INTA

Escherichia coli productor de toxina Shiga (STEC) es un patógeno emergente transmitido por alimentos, que se encuentra asociado a diarrea (D), diarrea sanguinolenta (DS), y síndrome urémico hemolítico (SUH). Los ruminantes, especialmente el ganado bovino, son el principal reservorio y la transmisión se produce a través del consumo de carne poco cocida, productos lácteos sin pasteurizar y verduras o agua contaminada con heces de animales. STEC O157:H7 es el serotipo prevalente, sin embargo otros serotipos no-O157 se encuentran asociados a enfermedad humana. El objetivo de este estudio fue establecer la frecuencia de detección de diferentes serotipos de STEC no-O157 aislados de casos clínicos esporádicos y de ganado bovino, y comparar su relación clonal. Entre noviembre de 2006 y abril de 2008 un total de 352 cepas STEC no-O157 se aislaron de SUH (n=38), DS (n=17), D (n=11), contactos asintomáticos (n=3), sin diagnóstico (n=3), y de carcasas y materias fecales de bovinos provenientes de diferentes regiones geográficas del país obtenidas en distintos frigoríficos (n=280). Las 352 cepas se agruparon en 55 serotipos, humanas correspondieron a 12 serotipos, y bovinas a 47. Los serotipos O111:NM (1 humana y 1 bovina), O145:NM (40 humanas y 3 bovinas), y O174:H21 (1 humana y 9