



Circulación de STEC en agua de arroyo y fauna silvestre en Uruguay

Presentaciones Orales / Oral Presentations

AT1: Ecología Microbiana Ambiental - AT1: Environmental Microbial Ecology
, AT1 7 Microbiología Acuática Epicontinental

Yamila Figueroa ^{1, 2}, Carla Stoletniy ^{1, 2}, David Montero ³,
Gabriela Martínez de la Escalera ^{1, 2}, Hugo Coitiño ^{1, 2, 4, 5}, Carolina Croci ^{1, 2},
Flores Bertoglio ^{1, 2}, Facundo Lepillanca ^{1, 2}, Pablo Zunino ^{1, 2}, Roberto Vidal ³,
Claudia Piccini ^{1, 2}, Ana Umpiérrez ^{1, 2}.

(1) Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable., Departamento de Microbiología., Avenida Italia 3318, Montevideo, Uruguay.

(2) Centro de Investigación en Ciencias Ambientales, CICA., Avenida Italia 3318, Montevideo, Uruguay.

(3) Universidad de Chile, Programa de Microbiología y Micología, Facultad de Medicina, Lira 40, Santiago, Región Metropolitana, Chile, Santiago de Chile, Chile.

(4) ONG ECOBIO Uruguay, Montevideo, Uruguay.

(5) INFRAVERDE URUGUAY, Montevideo, Uruguay.

yfigueroa89@gmail.com

Escherichia coli productora de toxina Shiga (STEC) es un patógeno zoonótico cuyo principal hospedero son los rumiantes. En Uruguay existen reportes de STEC en humanos, alimentos y bovinos, pero escasos en agua de recreación y fauna silvestre. El objetivo del trabajo fue estudiar la presencia de STEC en la localidad de Villa Serrana, Lavalleja. Se colectaron muestras bimestrales (2022-2024) y se aislaron y caracterizaron STEC de agua de arroyo y fecas (guazubirá y chanco-jabalí). Posteriormente se secuenció y analizó su genoma (WGS). Todos los aislamientos de STEC recuperados (n=14) presentaron el gen de la toxina Shiga 2 (*stx2*) y la mayoría fueron recuperados en temporada turística. El análisis genómico reveló diversidad de serotipos (O157:H7, O15:H27, O-:H21, O163:H19, O174:H21, O120:H21, O6:H34, O15:H49, O116:H49, O-:H16, O91:H7), genes de virulencia (*ehxA*, *hlyE*, *hlyA*) y de adaptación/resistencia ambiental (*iss*, *gad*, *terc*). Por primera vez se reportó la isla de adhesión y autoagregación (LAA). La resistencia antibiótica fue baja, aunque se detectaron algunos genes (*mdf(A)* y *tet(34)*). La filogenia mostró asociación entre serotipos independientemente del origen. Se determinó clonalidad entre los

aislamientos ambientales y cepas zoonóticas previamente descritas en la región y el mundo, algunas de éstas, responsables de brotes humanos. Se comprobó la circulación ambiental de STEC en otros reservorios como agua de arroyo y fauna silvestre. La presencia de LAA en aislamientos ambientales podría vincularse con la persistencia y adaptación de STEC fuera del hospedador, especialmente en ecosistemas adversos. Se propone profundizar la vigilancia genómica ambiental en el marco Una Sola Salud.

Palabras Clave

(1) STEC, (2) Uruguay, (3) Una sola salud, (4) WGS, (5) LAA, (6) Chanco jabali, (7) Guazubir.

Financiamiento:

FCE_3_2022_1_172463; POS_NAC_2022_1_173802; RuffordFoundation_39566-1