

ESTUDIO GENÓMICO COMPARATIVO DE STEC EN LA NATURALEZA Y EN HOSPEDEROS ANIMALES Y HUMANOS EN URUGUAY

FIGUEROA Y ¹, STOLETNIY C ¹, GIMENEZ P ¹, VÁZQUEZ S ², CAETANO A ², VARELA G ², IRIARTE A ³, ZUNINO P ¹, PICCINI C ¹, UMPIÉRREZ A ¹

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

² Unidad Académica de Bacteriología y Virología, Facultad de Medicina, Udelar. Contacto
Av Alfredo Navarro 3051. Montevideo, Uruguay.

³ Departamento de Desarrollo Biotecnológico, Facultad de Medicina, Udelar. Av Alfredo Navarro
3051. Montevideo, Uruguay.
yfigueroa89@gmail.com

Escherichia coli productora de toxina Shiga (STEC) es un patógeno zoonótico. Los rumiantes, animales silvestres y sistemas acuáticos son los principales reservorios. Uruguay presenta alta incidencia de infección humana causando diarrea sanguinolenta (DS) y síndrome urémico hemolítico (SUH). Se han descrito una variedad de factores vinculados con la virulencia, supervivencia y persistencia en ambiente y hospederos. Aunque la transmisión suele ocurrir por alimentos y agua contaminada, podrían existir otros reservorios naturales como medio de transmisión. El objetivo fue identificar rasgos genómicos y fenotípicos que faciliten la adaptación de STEC al entorno natural y detectar si estas características promueven infección en animales y humanos. Se compararon genomas y fenotipos de aislamientos de STEC (1 de feca de chanco-jabalí de monte nativo, 1 de mortalidad de ternero, 1 de alimento cárnico) con STEC de infecciones humanas. La secuenciación se realizó con Illumina. Los análisis bioinformáticos incluyeron genes de virulencia, secuenciotipo (ST), serotipo, resistoma y filogenia. Además se estudió la producción de biofilms, hemolisinas y resistencia al ácido. Los genomas ensamblados y anotados estudiados presentaron genes de virulencia y fenotipo comparables con STEC humanas. En chanco-jabalí y alimento cárnico se detectó ST11(O157:H7), principal serotipo asociado a SUH, sin presencia de genes de resistencia antibiótica. En ternero se detectó ST10948(O119:H11) y genes comparables a la resistencia antibiótica observada fenotípicamente. La filogenia evidenció que ST11(O157:H7) de chanco-jabalí y alimento cárnico, se agruparon con un aislamiento ST11(O157:H7) aislado de orina humana sin SUH, mientras que ST10948(O119:H11) del ternero se agrupó con aislamientos ST21(O26:H11) humanos con DS. Los atributos genéticos y fenotípicos hallados en STEC le permitirían tanto persistir como excretarse de animales, adaptarse a suelos y cursos hídricos, sobrevivir en alimentos y causar enfermedad. La perspectiva “Una Salud” es fundamental para abordar esta problemática.

Palabras claves: genómica, ambiente, animales silvestres, alimentos.

Financiación: ANII, FCE_3_2022_1_172463, Rufford Foundation_39566-1