

ISBN: 978-84-09-40989-1

XXV

CONGRESO NACIONAL

SEIMC

Sociedad Española de Enfermedades
Infecciosas y Microbiología Clínica

2 - 4
JUNIO
2022



GRANADA

Palacio de Exposiciones
y Congresos de Granada

www.seimc2022.org



LIBRO

TRABAJOS ACEPTADOS	
Código ISBN	978-84-09-40989-1
Enlace publicación	https://intranet.pacifico-meetings.com/amsysweb/faces/publicacionOnlineLIBRO.xhtml?id=749
Tema	04. Virulencia y patogénesis de los agentes infecciosos
Sesión	SO-14. Virulencia y patogénesis de los agentes infecciosos
Código de presentación	0134
Autor(es)	Sandra Martínez-Álvarez, María Gracia-Samaniego, Rosa Fernández-Fernández, Paula Eguizábal, Myriam Zarazaga, Carmen Torres
Centros	Universidad de La Rioja, Logroño
Título	Detección y caracterización de cepas de <i>Escherichia coli stx</i> y/o <i>eae</i> positivas aisladas de carne de origen aviar

Texto

Introducción y objetivos: *Escherichia coli* productora de toxina Shiga (STEC) se asocia con diarrea leve, colitis hemorrágica y síndrome hemolítico-urémico. *E. coli* enteropatógena (EPEC) se define como *E. coli* diarreogénica que contiene el gen codificante de la intimina (*eae*) y carece de los genes codificantes de la toxina shiga (*stx*). Las EPEC se dividen en típicas (tEPEC) o atípicas (aEPEC) en función de la presencia o ausencia del gen *bfp*, respectivamente. El objetivo de este trabajo fue investigar la presencia de STEC y EPEC en carne de origen aviar, así como los fenotipos y genotipos de resistencia a antibióticos y los linajes genéticos asociados.

Materiales y métodos: Se analizaron 60 aislados de *E. coli* procedentes de 48 muestras de carne de origen aviar recuperados en agar MacConkey con/sin cefotaxima para analizar diferentes fenotipos de resistencia a antibióticos de interés. Los aislados *E. coli* obtenidos se identificaron por MALDI-TOF. La presencia de los genes *stx/eae* se detectó por PCR y se determinaron los subtipos de *stx1* mediante PCR-multiplex, *stx2* mediante la secuenciación de la región más variable del operón *stxAB₂* y las variantes de *eae* mediante PCR/secuenciación. En todos los aislados positivos para *stx* y/o *eae* se investigaron otros factores de virulencia (*ehx*, *hlyA*, *saa*, *tia*, *bfp* y *subAB*). Además, se estudiaron los mecanismos de resistencia a antibióticos y se realizó el tipado molecular mediante MLST en STEC y EPEC. Asimismo, se analizaron cepas seleccionadas no-STEC/EPEC mediante MLST.

Resultados: Se identificaron cinco aislados STEC (8,33%) y dos EPEC (3,33%) entre los 60 estudiados. Todos los aislados STEC albergaban el gen *stx1*, y carecían de *stx2*. Se detectaron las siguientes variantes de *stx1* (número de cepas): *stx1a+stx1d* (3), *stx1c* (1) y *stx1a* (1). Cuatro de las cinco STEC albergaban el gen de la adhesina autoaglutinante (*saa*). Se detectó el gen *eae* en dos aislados EPEC, en ausencia del gen *stx*; fueron *bfp*-negativos, considerándose aEPEC. La variante *eae* de los dos aislados EPEC fue *beta-1* y no portaban genes de virulencia accesorios. Una de las cepas EPEC era productora de una β -lactamasa de espectro extendido (BLEE) codificada por *bla*_{TEM-52}. Además, un aislado STEC mostró un fenotipo de multirresistencia (MDR), incluyendo tetraciclina, gentamicina y trimetoprim-sulfametoxazol. Se detectaron tres secuencias-tipo/filogrupos asociados al patotipo STEC (ST115/E, ST6446/A y ST1011/E) y dos al patotipo EPEC (ST752/A y ST302/B2). La cepa EPEC productora de la enzima TEM-52 pertenecía al linaje ST752/A. Se detectó un integrón de clase 1 en una cepa STEC. Los linajes ST1011/E, ST3764/A-E, ST6446/E y ST752/A se detectaron también entre los aislados no-STEC/EPEC.

Conclusión: Los patotipos STEC y EPEC se detectan en aislados de carne de origen aviar asociados a linajes genéticos diversos, en ocasiones mostrando fenotipos MDR, incluidos los productores de BLEEs. Los linajes ST1011/E, ST6446/E y ST752/A se detectan tanto entre las cepas EPEC y STEC como en las carentes de estos genes de virulencia.