

Caracterización de cepas de *Escherichia coli* O113:H21 mediante MLVA

INTRODUCCIÓN

Escherichia coli verotoxigénico (VTEC) comprende un grupo importante de patógenos zoonóticos causante de enfermedad en humanos. El serotipo O113:H21 puede causar enfermedad comparable en severidad a la producida por O157:H7. Por ello, es de interés epidemiológico la caracterización de estas cepas. El análisis de múltiple loci VNTR (MLVA) es un método utilizado para su subtipificación molecular.

Alfaro RL, Sanso AM, Bustamante AV

Lic. en Tecnología de los Alimentos - UNCPBA
CIVETAN-CONICET, FCV-UNCPBA

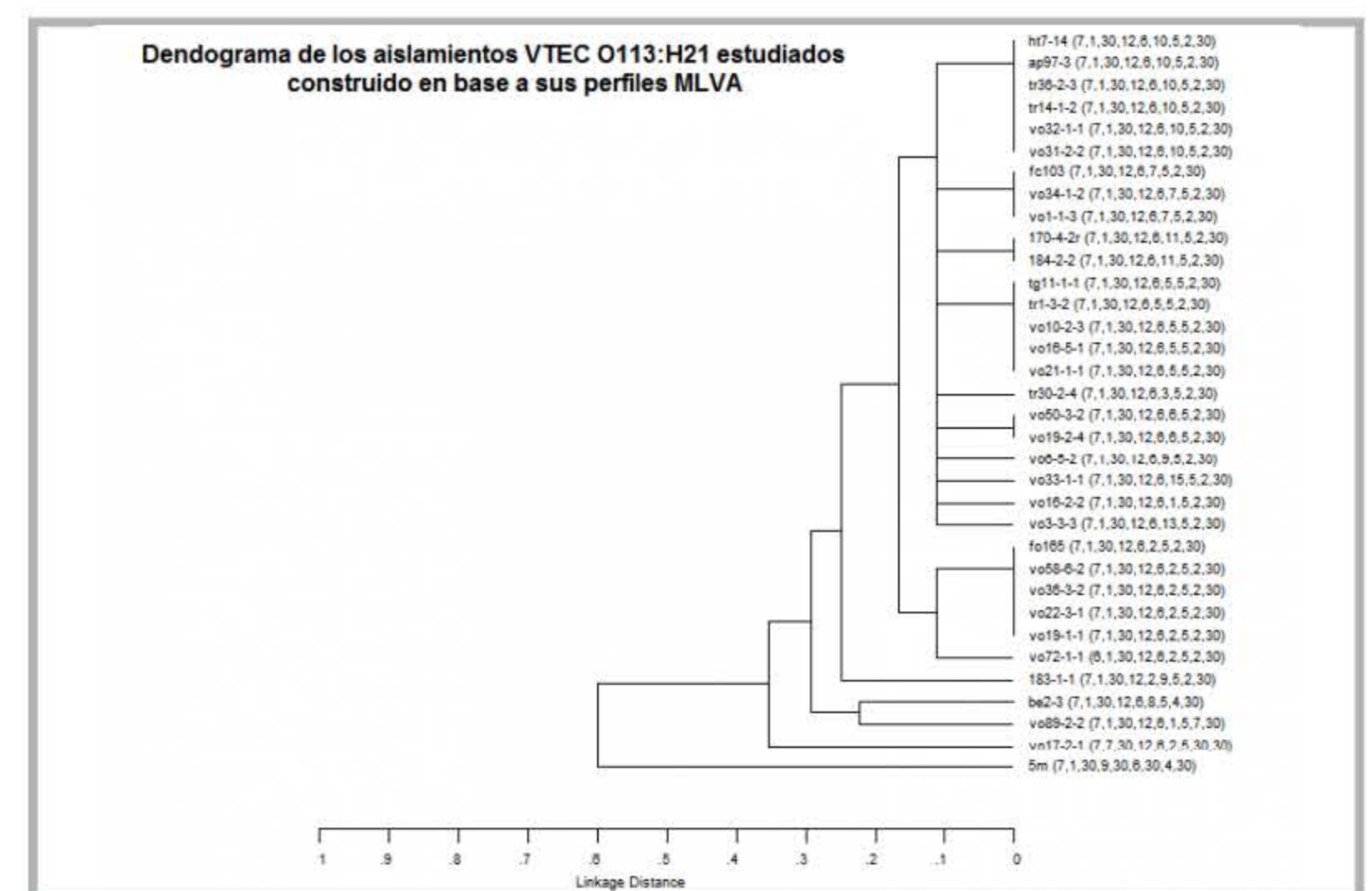
Bustamante AV

Sanso AM

Ciencias Agrícolas, Producción y Salud Animal
alfaroroxana7@gmail.com

OBJETIVOS

Caracterizar cepas nativas de VTEC pertenecientes al serotipo O113:H21 aisladas de bovinos y alimentos cárnicos de la región pampeana mediante MLVA.



METODOLOGÍA

Nueve loci VNTRs se amplificaron por PCR en 34 aislamientos VTEC O113:H21 provenientes de bovinos y alimentos cárnicos. Los amplímeros se visualizaron en geles de poliacrilamida y las variantes alélicas se secuenciaron. El análisis de los datos se realizó por bioinformática.

RESULTADOS

Se registraron 17 perfiles (11 fueron únicos). El número de alelos detectado por locus varió entre 1 (CVN015) y 12 (CVN014). Los loci más polimórficos fueron CVN014 y CVN016, mientras que la totalidad de las muestras presentaron alelo nulo para CVN003 y CVN017. El número de repeticiones identificadas entre los 9 loci analizados varió entre 1 y 15, y se registró un total de 24 alelos.

Caracterización de los loci VNTR analizados

	CVN001	CVN002	CVN003	CVN004	CVN007	CVN014	CVN015	CVN016	CVN017
Tamaño UR (pb)	39	18	-	15	6	6	6	6	-
Nº alelos	2	2	-	2	2	12	1	3	-
Rango alélico (UR)	6-7	1-7	-	9-12	2-6	1-15	5	2-7	-
Alelos nulos	no	no	si	no	si	no	si	si	si
Índice de Nei ¹	0.057	0.057	0	0.057	0.112	0.875	0.057	0.216	0

¹ Para el cálculo de los índices de Nei se tuvieron en cuenta los alelos nulos

CONCLUSIONES

Todos los aislamientos O113:H21 pudieron ser tipificados por MLVA. En tres tambos y una carnicería se detectó que 2 o más aislamientos pertenecerían al mismo clon. Además, en uno de los tambos el mismo clon se mantuvo circulando todo el año. La diversidad genética detectada puede considerarse importante, pero sería necesario incorporar más loci VNTR para obtener mayor discriminación.