



EPIDEMIOLOGÍA MOLECULAR DE CEPAS DE *Escherichia coli* O157:H7 AISLADAS EN DIFERENTES LOCALIDADES DE LA PROVINCIA DE BUENOS AIRES



GOMEZ, D (1); ZOTTA, C (1); LAVAYEN, S (1); CHINEN, I (2); CARBONARI, C (2); MILIWEBSKY, E (2); RIVAS, M (2); MONZANI, V (3); MORVAY, L (3). dgomez@ine.gov.ar

¹ Instituto Nacional de Epidemiología "Dr. Juan H. Jara" - ANLIS "Dr. Carlos G. Malbrán". Itzaingó 3520. Mar del Plata, Argentina. ² Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas - ANLIS "Dr. Carlos G. Malbrán".

³ Hospital Interzonal Especializado Materno Infantil "Sr. Victorio Tetamanti"

El comportamiento emergente de *Escherichia coli* O157:H7 y su asociación a casos de diarrea sanguinolenta (DS) y síndrome urémico hemolítico (SUH) ha generado gran preocupación en nuestro país por el número de personas afectadas. Estas cepas están ampliamente distribuidas y portan con frecuencia los genes *stx2* y *stx2c*.

OBJETIVO: El objetivo fue establecer la diversidad genética y la relación clonal de cepas de *E. coli* O157:H7 aisladas de casos de SUH, DS y contactos asintomáticos (CA) ocurridos en la provincia de Buenos Aires en el período 1996-2007.

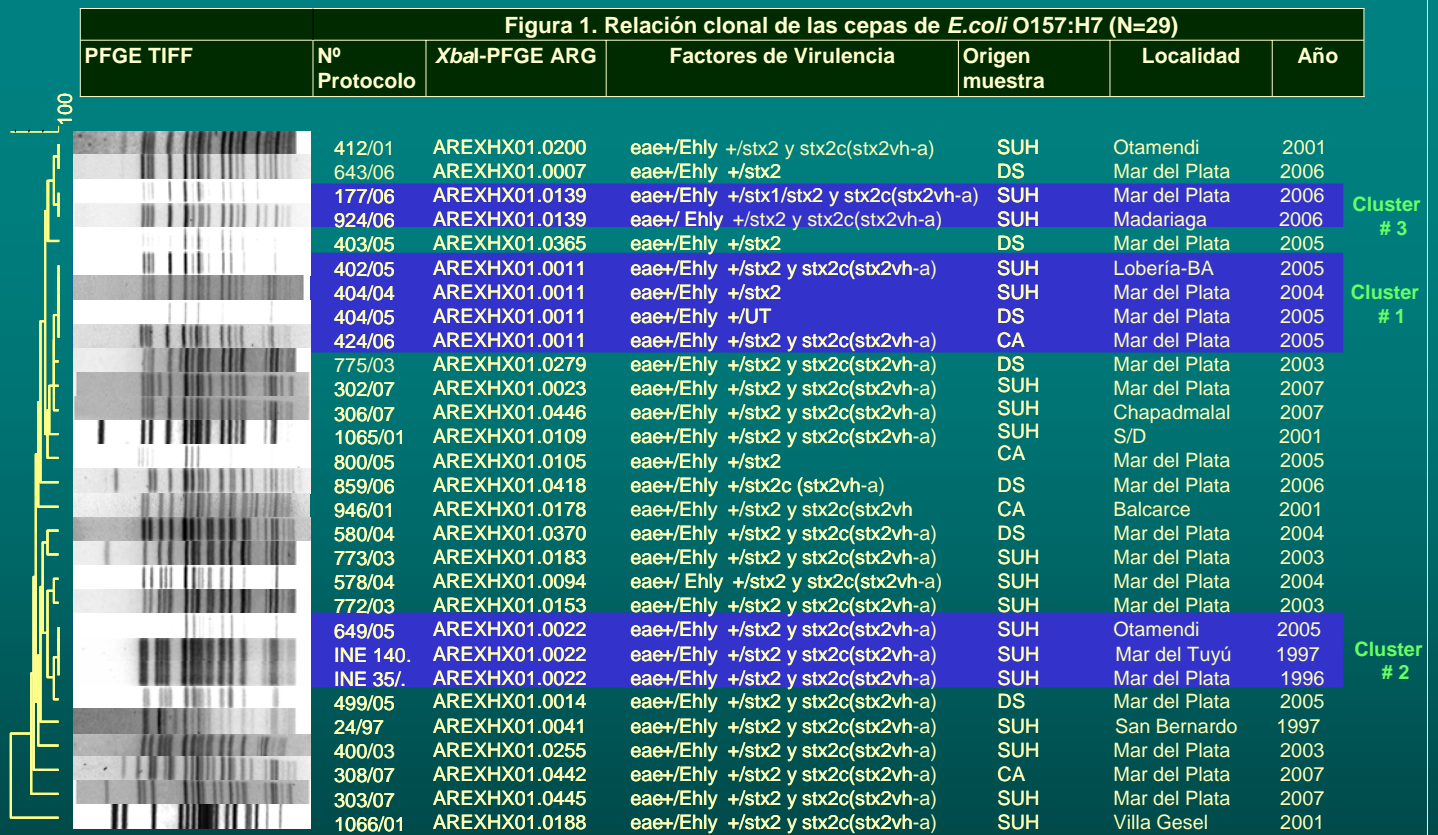
MATERIALES Y METODOS: Se estudiaron 29 cepas aisladas de SUH, DS y CA en diferentes localidades de la región costera de la Provincia de Buenos Aires en el período 1996-2007. Las cepas fueron caracterizadas por PCR para *stx1*, *stx2*, *rfbO157*, *eae*, *ehxA* y *fliCh7*, y subtipificadas por la técnica de macrorestricción con la enzima *XbaI* y separación por electroforesis en gel de campo pulsado (*XbaI*-PFGE), siguiendo el protocolo de *E. coli* O157 descrito para la red PulseNet.

RESULTADOS: Las cepas de *E. coli* O157:H7 presentaron el genotipo *stx2* en el 97% y *stx1* y *stx2* en el 3%. Todas fueron *eae* y *ehxA* (+). La variante de *Stx2* más frecuentemente detectada fue *stx2* y *stx2c*. Las cepas fueron del biotipo C (90%), B (7%) y D (3%).

Las 29 cepas estudiadas correspondieron a 23 patrones *XbaI*-PFGE diferentes. 28/29 cepas presentaron 81.2% de similitud. Los patrones más frecuentes se agruparon en: Cluster # 1, AREXHX01.0011 (n=4); Cluster #2, AREXHX01.0022 (n=3); Cluster #3, AREXHX01.0139 (n=2).

Ver distribución de patrones y clusters según factores de virulencia, origen, lugar y año de aislamiento en la figura 1.

Figura 1. Relación clonal de las cepas de *E. coli* O157:H7 (N=29)



CONCLUSIONES: Por *XbaI*-PFGE, se pudo comprobar la alta diversidad genética de las cepas circulantes. Sin embargo, tres patrones fueron detectados con mayor frecuencia lo que implicaría que estas cepas estarían ampliamente diseminadas y su persistencia a través de los años estaría indicando que sobreviven en reservorios aún no investigados.

La aplicación de técnicas de epidemiología molecular en tiempo real es fundamental ya que contribuye a mejorar la vigilancia de este patógeno, afianzando los resultados de laboratorio con los de epidemiología. Con este estudio se logró conocer la diversidad genética de las cepas circulantes en esta región y conformar una base de datos que permite monitorear las diferencias en los perfiles de patrones detectados a fin de identificar en forma temprana posibles brotes difusos de difícil detección.