

Diversidad de genes que codifican para toxinas en *Salmonella enterica* y su asociación con la virulencia.

Juan Daniel Hernández-Camacho, Gerardo Manuel Nava-Morales

Facultad de Química, Departamento de Investigación y Postgrado en Alimentos, Universidad Autónoma de Querétaro, Cerro de las Campanas s/n, Cp. 76010, Querétaro, Querétaro, México; juan_hdz.9718@gmail.com.

Palabras clave: Salmonella enterica, Exotoxinas, Virulencia, Análisis bioinformático.

Introducción.

Gran parte de las infecciones gastrointestinales provocadas por la ingesta de alimentos contaminados son causados por enterobacterias, entre las que destacan *E. coli*, *Shigella*, y *S. enterica*¹, esta última es el agente etiológico de la fiebre tifoidea. Un factor de virulencia asociado al desarrollo de la fiebre tifoidea es la expresión de exotoxina tifoidea, una proteína del tipo A₂B₅, la cual; hasta hace unos años, se creía exclusiva de *S. enterica* serovar Typhi^{2,3}. En los últimos años, ha surgido evidencia indicando que algunos serotipos no tifoideos poseen genes que codifican para las diferentes subunidades de la toxina tifoidea.⁵ Basado en esta premisa, el presente estudio se enfocó a realizar un análisis bioinformático para conocer la distribución de genes que codifican la exotoxina tifoidea, PltB, PltA y CdtB en genomas de *Salmonella enterica*.

Materiales y métodos.

Se realizó la búsqueda en la literatura para identificar las secuencias de los genes que codifican pata toxina tifoidea, (PltB, PltA y CdtB). Las secuencias de referencia obtenidas se sometieron a una búsqueda de secuencias homologas utilizando la herramienta BLAST utilizando los genomas y secuencias de nucleótidos depositadas en el GenBank, considerando únicamente las secuencias con un 80-100% de identidad.

Resultados

El análisis reveló que los genes PltB, CdtB y PltA son más prevalentes en serotipo Typhi (40%), pero, también se encuentran en otros serotipos como Indiana (8%) Montevideo (7%) Adjame y Goldcoast (2%), entre algunas otras. El gen CdtB fue el de mayor prevalencia (37%), seguido de PltA (32%) y PltB (31%). Esto podría indicar un proceso evolutivo selectivo, donde la presencia de este factor de virulencia podría ser suficiente para la invadir los tejidos del huésped³.

Discusión

La toxina tifoidea está conformada por dos subunidades A (PltA, CdtB) y una subunidad B₅ (PltB)^{3,4}. La presencia de la toxina tifoidea contribuye a la virulencia y patogenicidad de *Salmonella* al momento de la invasión a células blanco⁶. Los resultados del presente estudio indican que este factor de virulencia está presente en aislamientos no tifoideos. Estos hallazgos también han sido reportados en otros estudios^{3,4}.

Conclusión

Las determinantes genéticas que codifican para la expresión de la toxina tifoidea están ampliamente distribuidas en el género *Salmonella*. Es fundamental realizar estudios epidemiológicos para evidenciar la presencia de este factor de virulencia en los aislamientos prevalentes en matrices alimentarias.

Serotipos	Presencia de los genes homologos						
	PltB	CdtB	PltA	Serotipos	PltB	CdtB	PltA
11-01853	-	+	-	Johannesburg	+	+	+
11-01855,	-	+	-	Kiambu	-	+	-
41:z4,z23:-	-	+	-	Kisarawe	+	+	+
42:r:-	-	+	+	Koessen	+	+	+
43:a:1,7	+	+	+	Manchester	+	+	+
47:k:z35	-	+	-	Mbandaka	+	+	+
48:i:z	-	+	-	Mikawasima	+	+	+
48:z81:z39	-	+	+	Milwaukee	+	+	+
56:z10:e,n,x	-	+	+	Minnesota	+	+	+
60:r:z	-	+	-	Mississippi	+	-	-
60:z10:z39	-	+	+	Moero	+	+	+
62:z36:-	-	+	-	Montevideo	+	+	+
62:z4,z23:-,	-	+	-	Muenster	+	+	+
63:g,z51:-	-	+	-	Napoli	-	+	+
Abaetetuba	+	+	+	Newyork	+	+	+
Adjame	+	+	+	Onderstepoort	+	+	+
Antsalova	+	+	+	Oranienburg	+	+	+
Bareilly	+	+	+	Panama	+	+	+
Brandenburg	+	+	+	Paratyphi	+	+	+
Bredeney	+	+	+	Pomona	+	+	+
Carmel	+	+	+	Poona	+	+	+
Carrau	+	+	+	Quebec	+	+	+
Chester	+	+	+	Rubislaw	+	+	+
Djakarta	+	+	+	Saintpaul	+	+	+
Florida	+	+	+	Schwarzengrund	+	+	+
Gallinarum	-	+	-	Stanleyville	+	+	+
Gaminara	+	+	+	Strain	+	+	+
Give	+	+	+	Strasbourg	-	+	-
Goldcoast	+	+	+	Sundsvall	+	+	+
Grumpensis	+	+	+	Teitelkebir	+	+	+
Hillingdon	+	+	+	Typhi	+	+	+
II 56:z10:e,n,x	+	-	-	Typhimurium	+	+	+
Indiana	+	+	+	Waycross	+	+	+
Inverness	-	+	-	Weltevreden	+	+	+
Javiana	+	+	+				

Tabla 1.- Distribución de los genes PltB, CdtA, PltA en los diferentes serotipos de salmonella.

Referencias

- (1) OMS | Salmonellosis <https://www.who.int/topics/salmonella/es/> (accessed Sep 11, 2020).
- (2) Salmonella (no tifoidea) [https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/salmonella-\(non-typhoidal\)](https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/salmonella-(non-typhoidal)) (accessed Sep 11, 2020).
- (3) Miller, R. A.; Wiedmann, M. The Cytolethal Distending Toxin Produced by Nontyphoidal *Salmonella* Serotypes Javiana, Montevideo, Oranienburg, and Mississippi Induces DNA Damage in a Manner Similar to That of Serotype Typhi. *mBio* **2016**, *7* e02109-16. <https://doi.org/10.1128/mBio.02109-16>.
- (4) Tamamura, Y.; Tanaka, K.; Uchida, I. Characterization of Pertussis-like Toxin from *Salmonella* Spp. That Catalyzes ADP-Ribosylation of G Proteins. *Scientific Reports* **2017**, *7* (1), 2653. <https://doi.org/10.1038/s41598-017-02517-2>.
- (5) Pollard, D. J.; Young, J. C.; Covarelli, V.; Herrera-León, S.; Connor, T. R.; Fookes, M.; Walker, D.; Echeita, A.; Thomson, N. R.; Berger, C. N.; Frankel, G. The Type III Secretion System Effector SeoC of *Salmonella enterica* Subsp. *Salamae* and *S. enterica* Subsp. *Arizonae* ADP-Ribosylates Src and Inhibits Opsonophagocytosis. *Infection and Immunity* **2016**, *84* (12), 3618–3628. <https://doi.org/10.1128/IAI.00704-16>.
- (6) Cheng, R. A.; Wiedmann, M. The ADP-Ribosylating Toxins of *Salmonella*. *Toxins (Basel)* **2019**, *11* (7). <https://doi.org/10.3390/toxins11070416>.