

## PATOTIPOS DE *ESCHERICHIA COLI* DETECTADOS EN MUESTRAS CÁRNICAS MEDIANTE UN PROGRAMA DE VIGILANCIA SANITARIA DE LA CONSEJERÍA DE SALUD DE LA REGIÓN DE MURCIA

Pathotypes of *Escherichia coli* detected in meat samples through a health surveillance programme of the Regional Health Department of the Region of Murcia.

**Arcenillas-Hernández, I.<sup>1</sup>, Ortega, N.<sup>1\*</sup>, Villa, M.I.<sup>2</sup>, Caro, M.R.<sup>1</sup>**

1. Departamento de Sanidad Animal, Universidad de Murcia, Campus de Excelencia Mare Nostrum, 30100 Espinardo, Murcia (España).
2. Consejería de Salud de la CARM, Ronda de Levante, 11, 30008, Murcia (España).

**Autor de correspondencia:** Dra. Nieves Ortega Hernández. Tel.: +34 868881899; fax: +34 868884147; E-mail: [nortega@um.es](mailto:nortega@um.es)

Tipo de artículo: Originales

Recibido: 19/07/2024

Aceptado: 16/10/2024

### RESUMEN

*Escherichia coli* es un microorganismo con amplia capacidad para sobrevivir en diferentes medios y ecosistemas. Sin embargo, su aparición en alimentos es indicadora de contaminación, siendo algunas cepas de esta bacteria dañinas para la salud humana. Por ello, el objetivo de este trabajo fue estudiar la presencia de determinados patotipos de *E. coli*, considerados de riesgo para la población: STEC, EAEC y AIEC. Para ello se analizaron muestras cárnicas procedentes de establecimientos y mataderos de la Región de Murcia. Las muestras tenían distinto origen animal (avícola, porcino, ovino, bovino o caprino), y podían ser frescas o procesadas. Estas muestras se cultivaron para aislar colonias de *E. coli*, de las que posteriormente se realizó la extracción de ADN. Ese ADN se analizó para detectar la presencia de los genes asociados a los patotipos objeto del estudio a través de la técnica de PCR. Los resultados revelaron que el 86.3 % de las muestras cárnicas analizadas tenían presencia de *E. coli*, de las cuales, obtuvieron resultados positivos a los genes de virulencia el 15.2 %. El pato-

tipo más frecuente fue AIEC (66.6 %), seguido de STEC (40.4 %) y EAEC (2.4 %). A pesar de que cualquiera de los orígenes animales obtuvo resultados positivos para alguno de los patotipos, fueron las muestras de origen porcino las que mayor número de casos reportaron. Aunque los porcentajes globales no son elevados (AIEC 8.7 %, EAEC 5.3 % y STEC 0.3 %), los resultados revelan la presencia de estos genes de virulencia tanto en muestras recogidas directamente en matadero, como en productos cárnicos procesados y distribuidos en el área de la Región de Murcia. Nuestros resultados demuestran la importancia que tiene la instauración de programas de vigilancia para la detección de agentes patógenos emergentes o re-emergentes, como los patotipos patógenos de *E. coli*, con el fin de evitar la aparición de toxoinfecciones alimentarias.

**Palabras clave:** Toxoinfección, *Escherichia coli*, STEC, AIEC, EAEC.

## ABSTRACT

*Escherichia coli* is a microorganism with a wide capacity to survive in different environments and ecosystems. However, its appearance in food is indicative of contamination, and some types of this bacteria are potentially harmful to human health. The objective of this work was to study the presence of certain pathotypes of *E. coli*, considered a risk for the human population: STEC, EAEC and AIEC. For this purpose, meat samples from establishments and slaughterhouses in the Region of Murcia were analysed. The samples came from different animal origins (poultry, pigs, sheep, cattle or goats), and could be either fresh or processed. Samples were cultivated to isolate *E. coli* colonies, and DNA was subsequently extracted from them. This DNA was analysed for the presence of genes associated with the pathotypes under study using the PCR technique. Results showed that 86.3 % of meat samples examined revealed the presence of *E. coli*, out of which 15.2 % were found to be positive for virulence genes. The most frequent pathotype was AIEC (66.6 %), followed by STEC (40.4 %) and EAEC (2.4 %). While all animal origins tested positive for any of the pathotypes, samples of porcine origin reported the highest number of cases. Although the overall percentages are not particularly high (AIEC 8.7 %, EAEC 5.3 % and STEC 0.3 %), the results demonstrate the occurrence of these virulence genes both in samples collected directly at the slaughterhouse and in processed meat products distributed in the Region of Murcia. Thus, our results highlight the importance of establishing surveillance programmes to detect emerging or re-emerging pathogens, such as pathogenic *E. coli* pathotypes, to prevent the occurrence of foodborne toxin infections.

**Keywords:** Foodborne, *Escherichia coli*, STEC, AIEC, EAEC.

## INTRODUCCIÓN

*Escherichia coli* es la especie predominante de la microbiota anaerobia facultativa del tubo digestivo de muchas de las especies animales destinadas al consumo humano, excretándose por las heces. Esta bacteria está presente de forma habitual en el medio ambiente y es capaz de sobrevivir en el agua y los alimentos, donde su presencia es un indicador de contaminación fecal (Jang et al., 2017). La mayoría de cepas de *E. coli* son comensales, pero existen patotipos capaces de generar enfermedades intestinales (IPEC), como diarrea o colitis hemorrágica, y extraintestinales (ExPEC), como infecciones del

tracto urinario, peritonitis, infecciones respiratorias, etc., tanto en humanos como en animales (Kaper et al., 2004). Los *E. coli* patógenos pueden distinguirse de sus homólogos no patógenos por la presencia de genes de virulencia, que codifican determinados factores que favorecen su adherencia, colonización, invasión, o moléculas de su superficie celular que intervienen en la secreción, el transporte y la formación de sideróforos (Nataro & Kaper, 1998).

El grupo IPEC, *E. coli* diarreicos, se pueden clasificar en 6 categorías o patotipos: *E. coli* enteropatógeno (EPEC), *E. coli* enterotoxigénico (ETEC), *E. coli* enteroinvasivo (EIEC), *E. coli* de adherencia invasiva (AIEC), *E. coli* ente-

roagregativo (EAEC) y *E. coli* shigatoxigénico (STEC) (Kaper et al., 2004; Crossman et al., 2010; Croxen & Finlay, 2010). Algunos de estos *E. coli*, normalmente aquellos incluidos en los patotipos STEC y EAEC, suelen transmitirse por alimentos que han sufrido contaminación fecal y han sido identificados como una importante amenaza para la salud pública (Mora et al., 2011). En este sentido, el grupo STEC se asocia a enfermedades en el ser humano como la colitis hemorrágica, el síndrome urémico hemolítico (SUH) y la púrpura trombocitopénica, producido por las citotoxinas denominadas toxinas *Shiga*. El grupo EAEC se caracteriza por producir una reacción inflamatoria con segregación de toxinas proteicas lo que contribuyen al daño epitelial. Por otro lado, el patotipo AIEC, que se asocia con la enfermedad de Crohn (EC), es capaz de inducir inflamación intestinal persistente, atravesando y dañando la barrera intestinal (Viladomiu et al., 2021).

Dada a la relevancia que estos patotipos de *E. coli* pueden tener sobre la salud pública, el Servicio de Seguridad Alimentaria de la Comunidad Autónoma de la Región de Murcia, instauró un programa de vigilancia cuyo objetivo fue analizar la presencia de los principales genes asociados a los patotipos STEC, EAEC y AIEC en muestras cárnicas recogidas en distintos comercios y mataderos de la Región de Murcia. En este trabajo se recogen los resultados observados en los muestreos llevados a cabo en los 3 últimos años, lo que nos permite valorar si en este periodo ha existido riesgo sanitario asociado a los patotipos anteriormente mencionados, para los consumidores de productos cárnicos de la Región de Murcia.

## MATERIAL Y MÉTODOS

### 1. Muestras del estudio

Se analizaron un total de 321 muestras de diferentes especies animales, recogidas en el periodo comprendido entre los años 2020 y 2023

(Tabla 1). Las muestras en fresco procedían de mataderos, mientras que las de carne procesada fueron recogidas en establecimientos alimentarios de la Región de Murcia. Las muestras de carnes procesadas se agruparon en 3 grupos: (1) carne adobada/marinada, (2) carne picada/hamburguesas y (3) carne picada embutida (longaniza/salchicha/chorizo).

### 2. Enriquecimiento, aislamiento y extracción del ADN de *Escherichia coli*

Para reactivar las bacterias *E. coli* presentes en las muestras analizadas, se comenzó con una primera fase de pre-enriquecimiento, seguido de otra fase de enriquecimiento selectivo. Para ello cada muestra se homogeneizó durante 1 minuto con un homogenizador de laboratorio (Stomacher) en una dilución  $10^{-1}$  de agua de peptona (25g de muestra en 225 ml de agua de peptona). El contenido fue filtrado y recogido en un frasco de cristal estéril que se incubó a 37°C durante 6 horas. Posteriormente, se sembró en Caldo Mossel EE Broth (EEB) (Scharlau) para su enriquecimiento, y se incubó a 37°C durante 18-24h. Pasado el periodo de incubación, se aisló la bacteria *E. coli*, empleando para ello tres medios selectivos: Agar lactosa-MacConkey (LMAC) (Scharlab, España), Agar TBX (Scharlab, España) y Agar cefixima-telurita-sorbitol-MacConkey (CT-SMAC, Scharlab, España) (Mora et al., 2011). Estos medios se sembraron a partir de los caldos EEB y se incubaron a 37°C, excepto el medio TBX, cuyas siembras se duplicaron, para incubarse a 37°C y 44°C, respectivamente. Una vez aislada la bacteria, se seleccionaron colonias confluentes de los medios TBX y CT-SMAC para la extracción de su ADN. Estas colonias se resuspendieron en 200µl de H<sub>2</sub>O estéril y se mantuvieron en agitación constante durante 10 minutos a una temperatura de 100°C, utilizando para ello un bloque térmico (Ribeiro et al., 2016), de este modo, se favorecía la lisis celular y por tanto la liberación del ADN. A continuación, para veri-

**Tabla 1.** Origen, tipo y número de muestras recogidas en el periodo de estudio.

Año	Origen	Tipo de muestra <sup>a</sup>	Nº muestras	Muestras/año		
2020	Avícola		1	0		
			2	13		
			3	13		
		<b>Total</b>		<b>26</b>	94	
	Porcino		1	9		
			2	19		
			3	40		
		<b>Total</b>		<b>68</b>		
	2021	Avícola		1	12	
				2	12	
			3	11		
		<b>Total</b>		<b>35</b>	78	
Porcino			1	10		
			2	11		
			3	22		
		<b>Total</b>		<b>43</b>		
2022		Avícola		1	6	
				2	7	
			3	4		
		<b>Total</b>		<b>17</b>	61	
	Porcino		1	10		
			2	12		
			3	22		
		<b>Total</b>		<b>44</b>		
	2023	Porcino			50	88
		Bovino	Frescas		16	
Ovino				13		
Caprino				9		
<b>Total</b>				<b>321</b>		

<sup>a</sup> (1) Carne adobada/marinada, (2) Carne picada/hamburguesas y (3) Carne picada embutida (longaniza/salchicha/chorizo).

ficar por métodos moleculares la identidad de estas colonias se realizó una PCR específica de *E. coli*, utilizando para ello el gen diana *uspA* (Osek, 2001). Las muestras positivas a este gen, fueron seleccionadas para la detección posterior de los genes de virulencia asociados a los patotipos STEC, EAEC y AIEC.

### 3. Detección de genes de virulencia asociados a patotipos STEC, EAEC y AIEC

La detección de estos genes se llevó a cabo mediante diferentes PCR (Tabla 2). Los genes de virulencia *stx1*, *stx2* y *eaeA* asociados a las cepas del patotipo STEC, se detectaron a través

de una PCR multiplex (Paton & Paton, 1998), mientras que para los genes de virulencia *aaiC* y *aggR* asociados al patotipo EAEC se realizó una PCR clásica por cada uno de ellos (Boisen et al., 2012), al igual que para los genes *gipA* y *lpfA* asociados al patotipo AIEC (Chassaing et al., 2011; Vazeille et al, 2016). Para los perfiles EAEC y AIEC, las muestras se consideraron positivas si los dos genes asociados a cada patotipo eran detectados en la PCR. Sin embargo, en el caso del el patotipo STEC, donde los tres genes han de ser positivos, en este estudio se ha considerado como potencialmente positivas aquellas muestras donde se detectó la presencia de dos o más genes de virulencia asociados.

Para todas las PCR se empleó la polimerasa NTX taq PCR kit (EURx Ltd) y los primers especificados en la Tabla 2. Los ciclos de amplificación se llevaron a cabo en el termociclador (LifeEco Thermal Cycler, BIOER Technology) bajo las siguientes condiciones: 3 minutos de desnaturalización a 95°C, seguidos de 35 ciclos de: desnaturalización durante 15" a 95°C,

acoplamiento durante 15" a 60°C y extensión durante 15" a 72°C. Finalmente se mantuvo durante 1 minuto a 72°C para permitir la extensión completa de los productos de PCR. Estos productos se analizaron mediante electroforesis en gel de agarosa al 1.5 % teñido con Midori Green (Nippon Genetics). El tamaño de los amplicones de las PCR se determinó comparando el resultado con un marcador de peso molecular estándar (Eppendorf) en un transiluminador FastGene© Blue/Green LED Transilluminator (Nippon Europe Genetics).

## RESULTADOS

El 86.3 % de las muestras analizadas (277/321) obtuvo un resultado positivo a la presencia específica de ADN de *E. coli*. De esas muestras, el 15.2 % (42/277) presentaron genes de virulencia asociados a los patotipos analizados. De ellos, el patotipo más prevalente fue AIEC (66.6 %, 28/42), seguido de STEC (40.4 %; 17/42) y EAEC (2.4 %, 1/42) (Tabla 3). En la

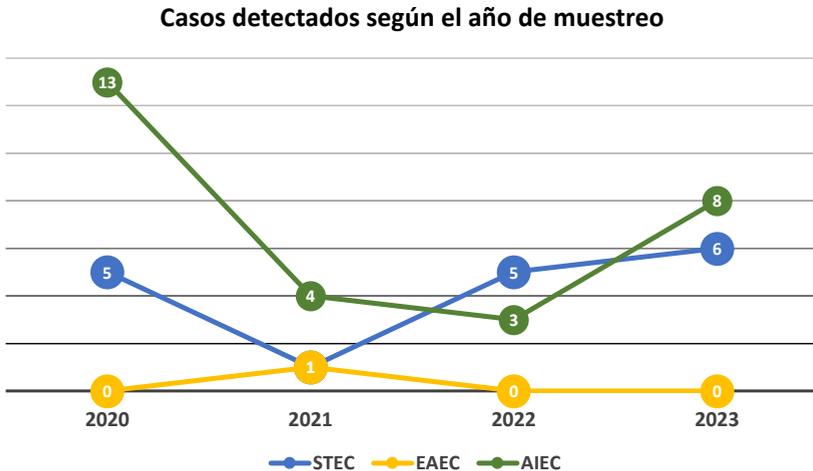
**Tabla 2.** Genes asociados a patotipos STEC, EAEC y AIEC, primers, secuencias de los primers (oligonucleótidos 5'-3') y tamaño de los fragmentos a amplificar.

Patotipo	Gen	Primers	Secuencia de oligonucleótidos (5'-3')	pb	Referencia
STEC	<i>stx1</i>	VT1-F	TCGCTGAATGTCATTCGCTCTGC	539	(Mora et al., 2011)
		VT1-R	TCAGCAGTCATTACATAAGAAC		
	<i>stx2</i>	VT2-F1	TTTCTTCGGTATCCTATTCCC	358	(Mora et al., 2011)
VT2-F2 VT2-R		TGCTTCAGCATCTTATGCAG CTGCTGTCCGTTGTCATGGAA			
EAEC	<i>eae</i>	EAE-V3F	CATTGATCAGGATTTTTCTGGT	510	(Mora et al., 2011)
		EAE-MBR	TCCAGAATAATATTGTTATTACG		
EAEC	<i>aaiC</i>	aaiC-F	TGGTGACTACTTTGATGGACATTGT	313	(Boisen et al., 2012)
		aaiC-R	GACTCTCTTCTGGGGTAAACGA		
EAEC	<i>aggR</i>	aggR-F	GCAATCAGATTAARCAGCGATACA	426	(Boisen et al., 2012)
		aggR-R	CATTCTTGATTGCATAAGGATCTGG		
AIEC	<i>gipA</i>	gipA-1	CAAAACCGACAATCCCCGCC	450	(Vazeille et al, 2016)
		gipA-2	GCCGATTGCCGGATGGACAA		
AIEC	<i>lpfA</i>	lpfA-1	GGCCTTCTTTCAGACGGTA	750	(Chassaing et al., 2011)
		lpfA-2	CTGGAAAAC TGCGATATCTCC		

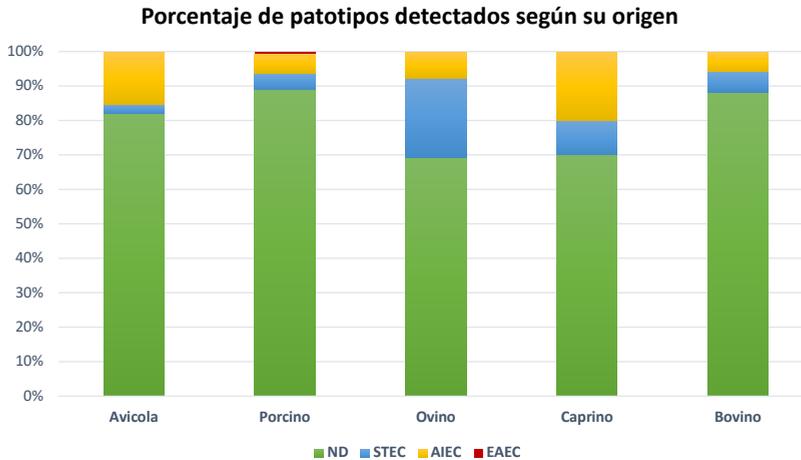
**Tabla 3.** Número de casos positivos en los que se detectaron al menos dos genes asociados a los perfiles STEC, EAEC o AIEC de *E. coli*, en función del origen animal y del tipo de muestra (procesado tipo 1, 2, 3, o muestra fresca).

Origen	Tipo de muestra <sup>a</sup>	Nº de muestras	Presencia E. coli	Presencia patotipos	STEC	AIEC	EAEC
Avícola	1	18	18	1	0	1	0
	2	32	32	8	2	6	0
	3	28	27	5	0	5	0
<b>Total</b>		<b>78</b>	<b>77</b>	<b>14</b>	<b>2</b>	<b>12</b>	<b>0</b>
Porcino	1	29	23	0	0	0	0
	2	42	34	5	4	1	0
	3	84	65	11 <sup>b</sup>	5	7	1
	Fresca	50	45	5	1	4	0
<b>Total</b>		<b>205</b>	<b>167</b>	<b>21</b>	<b>10</b>	<b>12</b>	<b>1</b>
Ovino	Fresca	<b>13</b>	<b>13</b>	<b>4</b>	<b>3</b>	<b>1</b>	<b>0</b>
Caprino	Fresca	<b>9</b>	<b>9</b>	<b>2<sup>c</sup></b>	<b>1</b>	<b>2</b>	<b>0</b>
Bovino	Fresca	<b>16</b>	<b>11</b>	<b>1<sup>d</sup></b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>0</b>
<b>Total</b>		<b>321</b>	<b>277</b>	<b>42</b>	<b>17</b>	<b>28</b>	<b>1</b>

<sup>a</sup> (1) Carne adobada/marinada, (2) Carne picada/hamburguesa y (3) Carne picada embutida (longaniza/salchicha/chorizo). <sup>b</sup> Dos de estas muestras obtuvieron un resultado positivo a los patotipos STEC y AIEC. <sup>c</sup> Una de las muestras fue positiva a STEC y AIEC. <sup>d</sup> Muestra positiva a los dos patotipos indicados.



**Figura 1.** Número de casos positivos en los que se detectaron al menos dos genes asociados a los perfiles STEC, EAEC o AIEC de *E. coli*, según el año de recogida de las muestras.



**Figura 2.** Representación del porcentaje de casos negativos (ND=no detectado) y positivos de patotipos de *E. coli* (STEC, EAEC y AIEC) en función del origen animal de las muestras

Figura 1, se puede observar el número de casos positivos según el perfil detectado y el año de muestreo. Las muestras restantes que igualmente fueron *E. coli* positivas (235/277), se las consideró como pertenecientes a otros patotipos, pues no cumplían los requisitos establecidos para la identificación de los patotipos objeto del estudio.

En relación a la especie animal de las muestras analizadas, se observó que todas las especies incluidas en este trabajo, presentaron al menos uno de los patotipos analizados, siendo únicamente el porcino donde se identificaron los tres patotipos objeto de estudio. (Figura 2), además de ser la especie animal donde más casos positivos se detectaron (Tabla 3). Por otro lado, los perfiles asociados a los tres patotipos analizados fueron detectados tanto en muestras cárnicas procesadas como en aquellas de carne fresca que habían sido tomadas en matadero. En concreto, las muestras de carne procesada adobada/marinada fueron las que tuvieron una menor incidencia (1 AIEC), seguidas de la carne fresca (4 STEC y 6 AIEC) y la carne procesada picada (6 STEC y 7 AIEC). Las muestras donde más casos se detectaron fueron de carnes procesadas del tipo longanizas/salchichas (3 STEC, 1 EAEC y 10 AIEC).

## DISCUSIÓN

A lo largo de estos años se ha analizado en muestras cárnicas, potencialmente destinadas al consumo humano, la presencia de los tres principales patotipos de *E. coli* causantes de afecciones gastrointestinales sistémicas. Los resultados mostraron que, de aquellas muestras positivas a este microorganismo, el perfil más prevalente fue AIEC, con más del 65 % de casos detectados. Globalmente esto supone la presencia de este patotipo en el 8.7 % (28/321) de las muestras analizadas. Este hallazgo es importante dadas sus implicaciones sobre la salud humana, pues puede inducir a una inflamación intestinal persistente, ya que este patotipo es capaz de atravesar y dañar la barrera intestinal, moviéndose a tejidos profundos, y activando continuamente los macrófagos para producir citoquinas proinflamatorias (Glasser et al., 2001). Esta disbiosis intestinal ha sido ampliamente descrita en pacientes con EC, donde se evidencia la existencia de lesiones en la mucosa ileal junto a una colonización anormalmente elevada de *E. coli* en el interior de macrófagos de la lámina propia (Mirsepassi-Lauridsen et al., 2019).

Del mismo modo, el perfil STEC, representó un 5.3 % del total de las muestras analizadas (17/321). Los principales factores de virulencia responsables de la patogenicidad de este patotipo son las toxinas *shiga* 1 y 2, que dañan el endotelio vascular, principalmente de los pequeños vasos del colón, riñón y sistema nervioso central. Dentro de este grupo, existe el subtipo de *E. coli* enterohemorrágicas (EHEC), que pueden provocar el síndrome urémico hemolítico (SUH), insuficiencia renal o la púrpura trombocitopénica trombótica (PTT) que, en un porcentaje muy bajo de ocasiones (3-10 %), pueden llegar a ser mortales (Rhoades et al., 2009; Rahal et al., 2015). Además, el grupo STEC presenta otros factores de virulencia que aumentan su patogenicidad: la intimina, que es una proteína de membrana externa de 97 KDa codificada por el gen cromosomal (*eae*), y responsable de la adherencia a las células epiteliales y el barrido de las microvellosidades de la mucosa colónica (lesión por adherencia y esfacelación A/E) (Mora et al., 2011). Las enfermedades severas en humanos están típicamente asociadas a cepas *eae*-positivas de los serotipos enterohemorrágicos (O157:H7; O26:H11; O103:H2; O111:H8, H-; O145:H-) (Sora et al., 2021). El patotipo STEC, ha sido mayormente notificado en animales de origen bovino, aunque también se ha detectado en otros animales domésticos o silvestres (Díaz-Sánchez et al., 2012; Ahmed et al., 2015; Fontcuberta et al., 2016, Peruzzy et al., 2022). A pesar de que los resultados de este estudio señalan la presencia de este perfil en muestras bovinas, se detectó una mayor prevalencia en caprino y ovino (Figura 2).

Por otro lado, el patotipo EAEC, reconocido como causa de la “diarrea del viajero” y de brotes de enfermedad de origen alimentario, especialmente asociada a gastroenteritis infantil, solamente se detectó en una muestra (1/321) de carne de origen porcino procesada (longaniza). En este estudio, gran parte de las muestras analizadas eran de origen porcino (205/321), y de estas, más del 75 % (155/205) procedían de productos cárnicos procesados. Al ser un

porcentaje tan bajo (0.6 %), a priori se podría descartar la presencia generalizada de este perfil en productos cárnicos distribuidos en la Región de Murcia, y por tanto el riesgo de intoxicación de la población a consecuencia de esta cepa.

Las muestras recogidas en este estudio eran tanto carnes procesadas (n=233) como carnes frescas tomadas directamente en matadero (n=88). Los resultados revelaron que la diferencia entre las muestras que fueron positivas a perfiles de virulencia de ambos grupos, no fue significativa (12.8 % y 13.6 %, respectivamente). En términos generales, la carne fresca, presenta un mayor contenido en agua, lo cual puede favorecer el crecimiento bacteriano. Sin embargo, en el caso de los productos cárnicos oreados, el proceso de secado al que se someten ayuda a que sean menos perecederos y más resistentes a la contaminación por microorganismos (Angulo, 2020). Para reducir el riesgo microbiológico se aplican procedimientos que ayudan a disminuir el pH, a prevenir la aparición de microorganismos patógenos (como la adición de nitratos y nitritos), o que disminuyan la actividad de agua (aw), para lo cual se utiliza la deshidratación progresiva durante toda la maduración (Viuda-Martos, 2023). Siguiendo esta línea, Fadda et al. (2010) llevaron a cabo un estudio relacionado con productos curados de origen porcino, y comprobaron que los factores más importantes para que estos fueran estables y seguros eran el pH y aw. Por otro lado, se sabe que existen algunas cepas EHEC de *E. coli* como la O157:H7, relacionadas con el patotipo STEC, que tienen la capacidad de sobrevivir al proceso de secado (Tilden et al., 1996). El 64.7 % (11/17) de las muestras de este estudio que obtuvieron un perfil STEC positivo procedían de carne procesada. Sin embargo, solo en uno de los casos se trataba de carne oreada (chorizo), mientras que el resto se correspondían con muestras de salchicha o longaniza que no habían pasado por un proceso de curación. Por otro lado, se observó que las carnes procesadas de tipo 2 y 3, obtuvieron un mayor número de

casos relacionados con el perfil AIEC. En este sentido, estos resultados pueden deberse a una contaminación cruzada durante el propio proceso de elaboración de estos productos cárnicos procesados, donde la maquinaria, utensilios o manipulación de la carne predispone y favorece la contaminación bacteriana con microorganismos patógenos para el ser humano como *E. coli*, o incluso con otros como *Listeria monocytogenes*, *Salmonella* spp. o *Staphylococcus aureus* (Ali & Alsayeqh, 2022).

Actualmente, hay una creciente preocupación por la presencia de estos patógenos de origen bacteriano en los alimentos dada su implicación en la salud pública, los cuales pueden hallarse en la cadena alimentaria desde el inicio, en la producción animal, hasta el final, con el consumo del producto cárnico (Abebe et al., 2020). Por ello, independientemente del tipo y la especie animal de la muestra, es importante llevar a cabo procedimientos normalizados en el procesado y obtención de estos productos, así como un control de calidad para aquellos que tienen como fin su consumo por parte de la población.

## CONCLUSIONES

El desarrollo de este estudio ha dado a conocer la presencia de tres perfiles de virulencia de la bacteria *E. coli* en muestras cárnicas comercializadas en la Región de Murcia. De los tres perfiles analizados, el que presentó una mayor prevalencia fue AIEC, principalmente en muestras procedentes de ave y cerdo; seguido del perfil STEC, cuya detección se produjo en mayor medida en muestras porcinas, pues fue la especie animal con mayor número de muestras analizadas en este estudio. Por último, el perfil EAEC solo se aisló en una muestra, también correspondiente a carne de cerdo.

A pesar de que los datos de prevalencia globales no son elevados, sí ponen en evidencia la importancia de continuar por parte de las administraciones públicas, como las Consejerías

de Salud de las distintas CCAA, con la implantación de programas de vigilancia de agentes zoonóticos emergentes y reemergentes en la industria alimentaria.

## AGRADECIMIENTOS

Este trabajo ha sido financiado por la Consejería de Salud de la Comunidad Autónoma de Murcia, Dirección General de Salud Pública y Adicciones: Servicio de Seguridad Alimentaria y Zoonosis, a través de un proyecto de investigación para la transferencia de conocimiento llevado a cabo junto con la Universidad de Murcia: “*Servicios diagnósticos altamente específicos con el objeto de ampliar los programas de vigilancia sanitaria y zoonosis de determinados patógenos emergentes y reemergentes*” (Ref. OTRI 33329, IP: María Rosa Caro Vergara).

## REFERENCIAS

- Abebe, E., Gugsu, G., Ahmed, M. (2020). Review on Major Food-Borne Zoonotic Bacterial Pathogens. *J Trop Med*, 4674235.
- Ahmed, W., Gyawali, P., Toze, S. (2015). Quantitative PCR measurements of *Escherichia coli* including shiga toxin-producing *E. coli* (STEC) in animal feces and environmental waters. *Environ Sci Technol*, 49(5), 3084-3090.
- Ali, S., Alsayeqh, A.F. (2022) Review of major meat-borne zoonotic bacterial pathogens. *Front Public Health*, 10:1045599.
- Angulo, L.D.M. (2020). Principales bacterias transmitidas por alimentos, preservación y control. *Agrobiología*, 56.
- Boisen, N., Scheutz, F., Rasko, D.A., Redman, J.C., Persson, S., Simon, J., Kotloff, K.L., Levine, M.M., Sow, S., Tamboura, B., Toure, A., Malle, D., Pachalingam, S., Krogfelt, K.A., Nataro, J.P. (2012). Genomic Characterization of Enterohemorrhagic *Escherichia coli* from children in Mali. *J Infect Dis*, 205, 431-444.
- Chassaing, B., Rolhion, N., De Vallée, A., Sa'ad, Y.S., Prorok-Hamon, M., Neut, C.,

- Campbell, B.J., Sötherholm, J.D., Hugot, J.P., Colombel, J.F., Darfeuille-Michaud, A. (2011). Crohn disease-associated adherent-invasive *E. coli* bacteria target mouse and human Peyer's patches via long polar fimbriae. *J Clin Invest*, 121(3), 966-975.
- Crossman, L.C., Chaudhuri, R.R., Beatson, S.A., Wells, T.J., Desvaux, M., Cunningham, A.F., Petty, N.K., Mahon, V., Brinkley, C., Hobman, J.L., Savarino, S.J., Turner, S.M., Pallen, M.J., Penn, C.W., Parkhill, J., Turner, A.K., Johnson T.J., Thomson, N.R., Smith, S.G., Henderson, I.R. (2010). A commensal gone bad: complete genome sequence of the prototypical enterotoxigenic *Escherichia coli* strain H10407. *J Bacteriol*, 192, 5822-5831.
- Croxen, M.A., Finlay, B.B. (2010). Molecular mechanisms of *Escherichia coli* pathogenicity. *Nat Rev Microbiol*, 8, 26-38.
- Díaz-Sánchez, S., Sánchez, S., Sánchez, M., Herrera-León, S., Hanning, I., Vidal, D. (2012). Detection and characterization of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* in game meat and ready-to-eat meat products. *Int J Food Microbiol*, 160(2), 179-182.
- Fadda, S., Lopez, C., Vignolo, G. (2010). Role of lactic acid bacteria during meat conditioning and fermentation: Peptides generated as sensorial and hygienic biomarkers, *Meat Science*, 86, 66-79.
- Fontcuberta, M., Planell, R., Torrents, A., Sabaté, S., Gonzalez, R., Ramoneda, M., de Simón, M. (2016). Characterization of Shiga Toxin-Producing *Escherichia coli* O157 Isolates from Bovine Carcasses. *J Food Prot*, 79(8), 1418-1423.
- Glasser, A.L., Boudeau, J., Barnich, N., Perruchot, M.H., Colombel, J.F., Darfeuille-Michaud, A. (2001). Adherent invasive *Escherichia coli* strains from patients with Crohn's disease survive and replicate within macrophages without inducing host cell death. *Infect Immun*, 69(9), 5529-5537.
- Jang, J., Hur, H.G., Sadowsky, M.J., Byappanahalli, M.N., Yan, T., Ishii, S. (2017). Environmental *Escherichia coli*: ecology and public health implications-a review. *J Appl Microbiol*, 123(3), 570-581.
- Kaper, J.B., Nataro, J.P., Mobley, H.L. (2004). Pathogenic *Escherichia coli*. *Nat Rev Microbiol*, 2, 123-140.
- Mirsepasi-Lauridsen, H.C., Vallance, B.A., Kroghfelt, K.A., Petersen, A.M. (2019). *Escherichia coli* pathobionts associated with inflammatory bowel disease. *Clin Microbiol Rev*, 32(2): e00060-18.
- Mora, A., Herrera, A., López, C., Dahbi, G. (2011). Characteristics of the shiga-toxin-producing enteroaggregative *Escherichia coli* O104:H4. German outbreak strain and STEC strains isolated in Spain. *Int Microbiol*, 14, 121-41.
- Nataro, J.P., Kaper, J.B. (1998). Diarrheagenic *Escherichia coli*. *Clin Microbiol Rev*, 11, 142-201.
- Osek, J. (2001). Multiplex polymerase chain reaction assay for identification of enterotoxigenic *Escherichia coli* strains. *J Vet Diagn Invest*, 13, 308-311.
- Paton, A.W., Paton, J.C. (1998). Detection and characterization of Shiga Toxigenic *Escherichia coli* by using multiplex PCR assays for stx1, stx2, eaeA, Enterohaemorrhagic *E. coli* hylA, rfbO111 and rfbO157. *J Clin Microbiol*, 36, 598-602.
- Peruzy, M.F., Cristiano, D., Delibato, E., D'Alessio, N., Proroga, Y.T.R., Capozza, R.L., Rippa, A., Murru, N. (2022). Presence of enteric bacterial pathogens in meat samples of wild boar hunted in Campania region, southern Italy. *Ital J Food Saf*, 11(1):9967.
- Rahal, E.A., Fadlallah, S.M., Nassar, F.J., Kazzi, N., Matar, G.M. (2015). Approaches to treatment of emerging Shiga toxin-producing *Escherichia coli* infections highlighting the O104:H4 serotype. *Front Cell Infect Microbiol*, 5, 24.
- Ribeiro Junior, J.C., Tamanini, R., Soares, B.F., de Oliveira, A.M., de Godoi Silva, F., da Silva, F.F., Augusto, N.A. & Beloti, V. (2016). Efficiency of boiling and four other methods

- for genomic DNA extraction of deteriorating spore-forming bacteria from milk. *Semin Agrar*, 37(5), 3069-3078.
- Rhoades, J.R, Duffy, G., Koutsoumanis, K. (2009) Prevalence and concentration of verocytotoxigenic *Escherichia coli*, *Salmonella enterica* and *Listeria monocytogenes* in the beef production chain: a review. *Food Microbiol*, 26(4):357-76.
- Sora, V.M., Meroni, G., Martino, P.A., Soggiu, A., Bonizzi, L., Zecconi, A. (2021). Extraintestinal Pathogenic *Escherichia coli*: Virulence Factors and Antibiotic Resistance. *Pathogens*, 10(11), 1355.
- Tilden, J.J., Young, W., McNamara, A.M., Custer, C., Boesel, B., Lambert-Fair, M.A., Majkowski, J., Vugia, D., Werner, S.B., Hollingsworth, J., Morris Jr., J.G. (1996). A new route of transmission for *Escherichia coli*: infection from dry fermented salami. *Am J Public Health*, 86, 1142-1145.
- Vazeille, E., Chassaing, B., Buisson, A., Dubois, A., de Vallée, A., Billard, E., Neut, C., Bommelaer, G., Colombel, J.F., Barnich, N., Darfeuille-Michaud, A., Bringer, M.A. (2016). GpA factor supports colonization of Peyer's Patches by Crohn's Disease-associated *Escherichia coli*. *Inflamm Bowel Dis*, 22(1). 68-81.
- Viladomiu, M., Metz, M.L., Lima, S.F., Jin, W.B., Chou, L., Guo, C.J., Diehl, G.E., Simpson, K.W., Scherl, E.J., Longman, R.S. (2021). Adherent-invasive *E. coli* metabolism of propanediol in Crohn's disease regulates phagocytes to drive intestinal inflammation. *Cell Host Microbe*, 29(4), 607-619.
- Viuda-Martos, M. (2023). Productos cárnicos crudo-curados. *Nacameh*, 17(1), 13-27.