



DETERMINANTES GENÉTICOS ASOCIADOS A LA ISLA DE PATOGENICIDAD (LIPI-2) EN LISTERIA MONOCYTOGENES COLECTADOS DE AGUACATE (PERSEA AMERICANA, VARIEDAD HAS)

Tania Karina Ceja Farias ¹, M Gutiérrez Lomelí², P. J. Guerrero-Medina³, M.A Roa-Zamora ³ y M. G. Avila-Novoa ³
1 Centro Universitario de la Ciénega, Universidad de Guadalajara, 2 Centro Universitario de la Ciénega, Universidad de Guadalajara, 3 Centro Universitario de la Ciénega, Universidad de Guadalajara.
taniaceja@gmail.com

Listeria monocytogenes es un patógeno ambiental de importancia clínica causante de listeriosis en humanos, cuya severidad está asociada a personas dentro de grupos de riesgo como mujeres embarazadas, neonatos, adultos mayores de 65 años y personas inmunodeprimidas. La capacidad de *L. monocytogenes* para producir enfermedades está íntimamente asociada a sus mecanismos de patogenicidad, en particular con la isla de patogenicidad (LIPI-2) que alberga los genes *inlA*, *inlB*, *inlC* e *inlJ*, estos genes se encargan de codificar a las proteínas internalinas A, B, C y J que tienen la función de atravesar varias barreras humanas, promover su internalización dentro de diversos tipos de células epiteliales y proliferar en el entorno intracelular mientras evaden la respuesta inmunitaria del huésped^{1, 2}. Además, *L. monocytogenes* está implicada en enfermedades transmitidas por alimentos y retiros voluntarios de alimentos como derivados lácteos, frutas, vegetales entre otras. En Estados Unidos se estima que existen 1600 casos de listeriosis con 260 defunciones cada año³. El objetivo de esta investigación fue determinar los genes *inlA*, *inlB*, *inlC* e *inlJ* que albergan la isla de patogenicidad LIPI-2 en aislamientos de *L. monocytogenes*. Para esto se utilizaron aislamientos de *L. monocytogenes* (n=20) colectados de Aguacate (*Persea americana*, variedad Hass). A continuación se realizó la extracción del DNA cromosómico de *L. monocytogenes* acorde a la metodología establecida en el kit de extracción (Bacteria DNA Preparation Kit, Jena Bioscience, Jena, Alemania). Posteriormente, se determinaron los genes de *inlA*, *inlB*, *inlC* e *inlJ* acorde al protocolo de Zhang et al. (2019), e incorporando *L. monocytogenes* ATCC 19111. A la par el producto amplificado era visualizado en un transiluminador (UVP, DigiDoc-it Darkroom, Upland, USA) comparando este producto con el marcador de peso molecular (Invitrogen 100 bp DNA Ladder, Vilna, Lituania). Resultando que en el 100 % (20/20) de los aislamientos se encuentran los genes *inlA*, *inlB*, *inlC* e *inlJ*. Esto es relevante para contribuir a los análisis de riesgos microbiológicos de *L. monocytogenes* en particular referente a la caracterización del peligro biológico y la asociación de la severidad de su patología en el humano, además de esto se generan datos para el sistema epidemiológico denotando a su vez la falta de mejora continua en las medidas de control implementadas durante la generación o comercialización de productos frescos listos para el consumo.

1. Pizarro-Cerdá, J., & Cossart, P. (2019). Microbe Profile: *Listeria monocytogenes*: a paradigm among intracellular bacterial pathogens: This article is part of the Microbe Profiles collection. *Microbiology (Reading, England)*, 165(7), 719-721. 2. Zhang, Y., Dong, S., Chen, H., Chen, J., Zhang, J., Zhang, Z., Yang, Y., Xu, Z., Zhan, L., & Mei, L. (2019). Prevalence, Genotypic Characteristics and Antibiotic Resistance of *Listeria monocytogenes* From Retail Foods in Bulk in Zhejiang Province, China. *Frontiers in Microbiology*, 10, 1-14 3. 8.CDC (Centers for Disease Control and Prevention). (2023). *Listeria* Outbreak with Unknown Food Source, disponible en: <https://www.cdc.gov/listeria/outbreaks/monocytogenes-02-23/index.html>