

DETECCIÓN DE *ARCOBACTER* EN ALIMENTOS DE ORIGEN MARINO Y SUS POSIBLES IMPLICACIONES PARA LA SALUD PÚBLICA

Figueras M.J.^{1,2}, Salas-Massó N.^{1,3}, Pérez-Cataluña A.², Andree K.B.³, Furones M.D.³

1 Unidad de Microbiología, Departamento de Ciencias Médicas Básicas, Facultad de Medicina y Ciencias de la Salud, Universidad Rovira i Virgili, C/Sant Llorenç 21, Reus.

2 Institut d'Investigació Sanitària Pere Virgili, Avda. de la Universitat, 1 - 2a planta, Reus.

3 IRTA- Sant Carles de la Ràpita, Crtra Poble Nou Km 5.5, Sant Carles de la Ràpita (Tarragona).

mariajose.figueras@urv.cat

El género *Arcobacter* comprende especies Gram negativas de forma curvada, de las cuales algunas, especialmente *Arcobacter butzleri*, son consideradas patógenas emergentes que pueden llegar a causar cuadros de diarrea y bacteremia en humanos [1]. Se considera que la principal ruta de transmisión de estos patógenos es por consumo de agua y alimentos contaminados. Actualmente, el género está compuesto por 27 especies de las cuales 9 (33.3%) han sido originalmente aisladas de moluscos bivalvos por lo que este tipo de alimento supone un reservorio de *Arcobacter* que puede representar un riesgo para el consumidor [1]. Por ello en los últimos años el número de estudios investigando la prevalencia de *Arcobacter* en alimentos de origen marino ha incrementado notablemente. El porcentaje de prevalencia de *Arcobacter* en este tipo de alimentos va desde un 17.1% hasta un 73.3% [2].

Entre los distintos tipos de alimentos de origen marino, el marisco es el que presenta una mayor positividad en cuanto a la detección de *Arcobacter*, siendo los mejillones los bivalvos más estudiados. Debido a que estos alimentos son normalmente consumidos crudos o poco cocinados, en la Unión Europea se han establecido unas medidas que regulan las áreas de recolección de bivalvos. Estas medidas están basadas en los niveles de *Escherichia coli* presentes en los moluscos

que se determinan como parte de un programa de monitoreo continuo y que clasifica las zonas de cultivo en cuatro categorías (A-D). Así, en la categoría A, el marisco no requiere depuración y puede ser consumido directamente ya que el 80% de las muestras no sobrepasa 230 Número Más Probable (NMP) de *E. coli* /100g y el 20% restante no excede 700 NMP/100g. Las categorías B, C y D el marisco requieren depuración hasta alcanzar los valores de la categoría A antes de ser consumidos.

Dos estudios recientes uno llevado a cabo en Italia [3] y otro en España por nuestro grupo [4] han demostrado que los niveles de *E. coli* en marisco están correlacionados con la presencia de *Arcobacter butzleri* y *Arcobacter cryaerophilus* en los mismos. Sin embargo, se ha observado que *E. coli* fallaría como indicador de *Arcobacter* durante los meses en los que la temperatura del agua está por encima de 26°C, es decir, durante los meses de verano. Estas muestras fueron negativas para la presencia de *E. coli* pero sin embargo demostraron ser positivas para *A. butzleri* [4].

Por otra parte, cuando los niveles de *E. coli* en mejillones y ostrones fueron de < 230 NMP/ 100g, los ostrones resultaron ser mucho más positivos para la presencia de *Arcobacter* que los mejillones (83 vs. 44%). Las especies más prevalentes en este tipo de muestras fueron *A. molluscorum* (más

abundante en mejillones), *A. marinus* (más abundante en ostrones) o *A. mytili*, todas ellas consideradas especies ambientales [4].

La metodología empleada para el análisis de *Arcobacter* en alimentos de origen marino, determina que especies se recuperan, así como la positividad de las muestras. En este sentido se ha demostrado que la adición de una concentración final 2.5% NaCl en el caldo *Arcobacter*-CAT de pre-enriquecimiento y el posterior cultivo en agar marino, aumenta en un 40% la positividad de las muestras y la diversidad de especies recuperadas en comparación con la metodología convencional que es un pre-enriquecimiento en caldo *Arcobacter*-CAT y posterior cultivo en agar sangre [2]. Con el método convencional se recuperaron 7 especies conocidas y 2 potenciales especies nuevas, que se encuentran en proceso de descripción. En cambio, con la nueva metodología se aislaron 11 especies conocidas, entre las cuales se encontraban *A. marinus* y *A. halophilus*, de las cuales solo se conocían las cepas tipo incluidas en su descripción original en USA y Corea, y también se aislaron hasta 7 nuevas especies [2].

La incorporación en los últimos años de un gran número de nuevas especies al género *Arcobacter*, ha puesto en evidencia que estas presentan una gran diversidad en base a la similitud del gen 16S rRNA que oscila entre 91.2-99.6%. Los valores de similitud <95% sugieren que algunas especies podrían considerarse como pertenecientes a otros géneros. El análisis del *core genome* (284 genes), así como de diferentes índices genómicos de 55 cepas incluyendo las cepas tipo han evidenciado que el género *Arcobacter*, puede dividirse en 7 nuevos géneros, para los que los nombres propuestos son *Arcobacter*, *Aliiarcobacter* gen. nov., *Pseudoarcobacter* gen. nov., *Haloarcobacter* gen. nov.,

Malacobacter gen. nov., *Poseidonibacter* gen. nov., y Candidato '*Arcomarinus*' gen. nov [5]. El género *Aliiarcobacter* comprendería las especies típicamente consideradas patógenas humanas y de animales y que están estrechamente relacionadas con contaminación fecal (*A. cryaerophilus*, *A. butzleri*, *A. skirrowii*, entre otras). Otros géneros, como *Malacobacter* gen nov. comprendería especies típicamente asociadas a moluscos (*A. halophilus*, *A. mytili*, *A. marinus*, *A. molluscorum* y *A. pacificus*) y de las cuales se sabe muy poco sobre su potencial patógeno para los humanos o animales. Sólo se conocen algunos datos sobre *A. molluscorum* y *A. mytili* que mostraron capacidad de adherencia, pero no de invasión a células intestinales Caco-2.

La erradicación y eliminación de las infecciones provocadas por *Arcobacter* se puede conseguir si se llevan a cabo buenas prácticas sanitarias para prevenir la contaminación del agua y de los alimentos con heces o con agua residual, que son consideradas como las principales fuentes de estas bacterias.

AGRADECIMIENTOS

Estos estudios han estado financiados por los proyectos JPIW2013-69 095-C03-03 del MINECO y AQUAVALENS (FP7/2007-2013).

REFERENCIAS

- [1] L Collado, MJ Figueras, M.J. *Clin. Microbiol. Rev.* **2011**, *24*, 174–192.
- [2] N Salas-Massó, KB Andree, MD Furones, MJ Figueras. *Sci Total Environ*, **2016**, *566-567*, 1355–1361.
- [3] F Leoni, S Chierichetti, S Santarelli, G Talevi, L Masini, C Bartolini, E Rocchegiani, M Naceur Haouet, D Ottaviani. *Int. J. Food Microbiol.* **2017**, *245*, 6-12.
- [4] N Salas-Massó, MJ Figueras, KB Andree, MD Furones, *Sci. Total Environ.* **2018**, *624*, 1171-1179.
- [5] A Pérez-Cataluña, N Salas-Massó, ABL Dieguez, S Balboa, A Lema, JL. Romalde, MJ Figueras. *Front Microbiol.* en prensa.