

Del fenotipo al genotipo. Un caso práctico: Listeriosis en productos cárnicos

RECIENTEMENTE LA AGENCIA Española de Seguridad Alimentaria (AESAN) publicó un documento de orientación titulado: “Informe sobre la verificación de estudios de vida útil en relación a *Listeria monocytogenes* en alimentos listos para el consumo”, con una introducción y apartados describiendo el objetivo, la base legal y los documentos de referencia. Se incluye un apartado de categorías de alimentos listos para el consumo que pueden favorecer o no el desarrollo de *Listeria monocytogenes*. Además hay apartados destinados a los estudios de vida útil y cuatro anexos con las especificaciones de los distintos tipos de estudios de vida útil, la tecnología de los obstáculos o de barreras, un árbol de decisiones para la clasificación de los alimentos en los grupos establecidos en el Reglamento (CE) N° 2073/2005 y un listado de revisión para que los inspectores de control oficial puedan chequear el cumplimiento de distintos requisitos de los estudios presentados. Termina con unos ejemplos prácticos de los estudios de vida útil que son de gran interés para aclarar dudas e incertidumbres (recomendamos su lectura)¹.

Tenemos aún reciente el brote de listeriosis en Sudafrica atribuido a productos cárnicos tipo salchicha, fundamentalmente de pollo². Los hallazgos epidemiológicos y de laboratorio llevaron a la investigación de una gran planta de producción de carne procesada. *Listeria monocytogenes* ST6 (*sequence typing*) se encontró en muestras ambientales de la planta de producción y en productos cárnicos procesados listos para el consumo (incluida la polonia, un producto similar a la salchicha de Bolonia) fabricados en la planta. Los aislamientos de ST6 en las plantas de producción, demostraron mediante análisis de polimorfismo de un solo nucleótido (SNP) su relación con los aislamientos clínicos; estos aislamientos de ST6 no clínicos mostraron <10 diferencias de SNP en comparación con los aislamientos de ST6 clínicos. El genoma central MLST (*multilocus sequence typing*) mostró que los aislamientos clínicos de ST6 y los aislados de ST6 relacionados con la empresa no tenían más de 4 diferencias de alelos entre sí, lo que sugiere una alta probabilidad de relación epidemiológica. Los datos de secuenciación del genoma completo (WGS) interpretados junto con los datos epidemiológicos determinaron la fuente del brote de listeriosis.

La listeriosis tiene un largo período de incubación, relacionar una fuente única o múltiples fuentes de ali-



Juan Carlos González, vocal de AVESA en la Comunidad Autónoma de Canarias.

mentos contaminados con enfermedades clínicas es un trabajo complejo y conlleva mucho tiempo. La gran mayoría de los casos de listeriosis humana son causados por tres serotipos, 1/2a, 1/2b y 4b. Por lo tanto, el serotipado de aislados de alimentos sospechosos y muestras clínicas, aunque es útil para eliminar algunas fuentes de alimentos, tiene un poder discriminatorio muy limitado. La utilización de una tecnología de secuenciación más rápida y asequible, junto con un mayor poder computacional, ha permitido comparaciones de secuencias completas del genoma de *Listeria* a partir de aislados recuperados de fuentes clínicas, alimentarias y ambientales. Estos análisis permiten identificar los brotes y la fuente con mayor precisión y rapidez, lo que lleva a una reducción en el número de enfermos, así como a una disminución en las pérdidas económicas.

La listeriosis se ha agregado a la lista sudafricana de enfermedades de declaración obligatoria a partir de diciembre de 2017, y los sistemas de vigilancia se han fortalecido para facilitar la prevención y la detección temprana de los brotes.

Referencias

1. **AESAN.** (2019) Informe del Comité Científico de la Agencia Española de Seguridad Alimentaria y Nutrición (AESAN) sobre la verificación de estudios de vida útil en relación a *Listeria monocytogenes* en alimentos listos para el consumo. Disponible on line: http://www.aecosan.msssi.gob.es/AECOSAN/docs/documentos/seguridad_alimentaria/evaluacion_riesgos/informes_comite/ESTUDIOS_VIDA_UTIL_LISTERIA.pdf
2. **Anthony M. Smith, Nomsa P. Tau, Shannon L. Smouse, Mushal Allam, Arshad Ismail, Ntsieni R. Ramalwa, Bolele Disenyeng, Mimmy Ngomane, and Juno Thomas.** (2019) Outbreak of *Listeria monocytogenes* in South Africa, 2017–2018: Laboratory Activities and Experiences Associated with Whole-Genome Sequencing Analysis of Isolates. *Food-borne Pathogens and Disease*. Published Online: 10 May 2019 <http://doi.org/10.1089/fpd.2018.2586>. e