

Caracterización genómica de aislamientos clínicos y ambientales de *Vibrio* spp. en Colombia: implicaciones de los rasgos asociados a virulencia y resistencia.

Alejandra Pérez-Duque^{1,2}, Andrea Gonzalez-Muñoz¹, Jorge Arboleda-Valencia^{1,3}, Lizbeth Janet Vivas-Aguas⁴, Tania Córdoba-Meza⁴, Ghennie Tatiana Rodriguez-Rey², Paula Díaz-Guevara⁵, Jaime Martinez-Urtaza⁶ and Magdalena Wiesner-Reyes⁵.

¹ Centro de Bioinformática y Biología Computacional BIOS, Manizales, Colombia.

² BIONAT: Grupo de Investigaciones en Biodiversidad y Recursos Naturales, Universidad de Caldas, Manizales, Colombia.

³ Grupo FITOBIOL, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.

⁴ Programa Calidad Ambiental Marina, Instituto de Investigaciones Marinas y Costeras José Benito Vives De Andreis INVEMAR, Santa Marta, Colombia

⁵ Grupo de Microbiología, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, Colombia.

⁶ Department of Genetics and Microbiology, Faculty of Biosciences, Universitat Autònoma de Barcelona, Bellaterra, Spain

Contacto: alejandra.mapd@gmail.com

El género *Vibrio* corresponde a microorganismos nativos de ecosistemas acuáticos, pese a que estas bacterias son habitantes naturales en dicho ecosistema, existe una preocupación generalizada por el aumento de casos de infecciones humanas y animales causadas por especies patógenas debido a la aparición de linajes epidémicos y la gran diversidad genética del género. En Colombia, la vigilancia activa del Instituto Nacional de Salud (INS) ha

confirmado la presencia de *Vibrio*; sin embargo, en la vigilancia rutinaria por laboratorio, estos aislamientos no se caracterizan a nivel de genoma. Este estudio se centró en el análisis del genoma de seis especies de *Vibrio*: *V. parahaemolyticus*, *V. vulnificus*, *V. alginolyticus*, *V. fluvialis*, *V. diabolicus* y *V. furnissii* para determinar las arquitecturas genéticas de rasgos potencialmente virulentos y de resistencia a los antimicrobianos. Se secuenciaron, ensamblaron y anotaron los genomas de los aislados procedentes de muestras ambientales colectadas en las costas Atlántico y Pacífico y muestras clínicas. Las especies más importantes para la salud pública se caracterizaron mediante tipificación multilocus de secuencias (MLST) y filogenómica. En el caso de *V. parahaemolyticus*, encontramos los genotipos virulentos ST3 y ST120. En el caso de *V. vulnificus*, se identificaron aislados pertenecientes a los linajes 1 y 2. Se encontraron homólogos de genes de virulencia entre las especies incluso en especies consideradas no patógenas como *V. diabolicus*. El conocimiento del riesgo que implica la circulación de aislamientos potencialmente virulentos y/o resistentes en el país, es esencial para establecer medidas de gestión y control que permitan una preparación adecuada en caso de un evento de brote de vibriosis para reducir el impacto socioeconómico de éste. La implementación de secuenciación de genoma completo para vigilancia genómica representó una herramienta de alta resolución para caracterizar los aislamientos. Los resultados de este estudio son importantes para reforzar la vigilancia intensificada de laboratorio que actualmente realiza el Grupo de Microbiología del Instituto Nacional de Salud de Colombia para establecer las fuentes potenciales de vibriosis en el país.