

Brotes de *Listeria* vinculado a hongos enoki

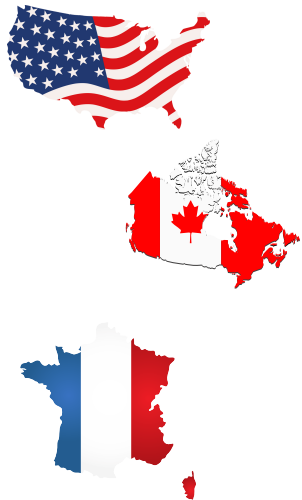
Una investigación multinacional

Parte A

Entre 2016 y 2020 se desató una investigación multinacional que vinculó un brote de infecciones por *Listeria monocytogenes* con hongos enoki importados de Corea del Sur.

La colaboración entre instituciones de salud y agencias regulatorias de **Estados Unidos, Canadá y Francia** fue crucial para rastrear la fuente de la contaminación.

A través de **estudios epidemiológicos, análisis de laboratorio y tecnologías de rastreo**, se llevaron a cabo retiros de productos para proteger la salud pública.



Esta investigación resalta la importancia de la cooperación nacional e internacional para:

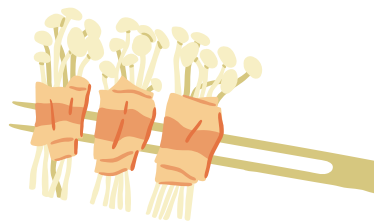
- Compartir información epidemiológica y genómica rápidamente.
- Muestrear, analizar e integrar los resultados a las bases de datos.
- Detener el brote a tiempo para evitar consecuencias lamentables en todo el mundo.

Resumen de brote:

48 personas enfermas

- 36 en Estados Unidos
- 12 en Canadá

Antes de esta investigación, en estos países no se habían reportado brotes de listeriosis relacionados al consumo de hongos.



Flammulina velutipes es el nombre científico de los hongos enoki o setas de invierno. Estos hongos se cultivan en un ambiente húmedo, con variaciones de temperatura que van desde los 25 °C, hasta 7-13°C. Son especialmente populares en la cocina asiática.

En Norte América y China, *Listeria monocytogenes* ha sido aislada de varios tipos de hongos comestibles.

Parte B

Existe un protocolo preestablecido para la resolución de brotes de enfermedad transmitida por alimentos. Este protocolo incluye: la identificación de causas, el historial de exposición a alimentos, entrevistas, cuestionarios preestablecidos, la cual es información fundamental para la investigación.

Sin embargo, el paso más importante es cuando esta información se fusiona con los adelantos tecnológicos que las autoridades de salud utilizan para determinar la causa exacta del brote. Hablemos más a detalle de estas tecnologías y cómo han revolucionado la resolución de brotes.

PulseNet

Presente en 88 países

5 continentes

PulseNet es la red de laboratorios que por más de 20 años ha ayudado a la resolución de brotes, facilitando el intercambio de datos en tiempo real y la estandarización de los métodos de genotipificación utilizados en cada laboratorio nacional y regional. Esta vigilancia detallada proporciona información específica y relevante que permite una detección temprana de brotes de enfermedades transmitidas por alimentos o agua, así como la identificación de patógenos emergentes y actos de bioterrorismo. Estos laboratorios utilizan algunas de las siguientes tecnologías y metodologías.

Secuenciación del Genoma Completo (SGC)

Es el proceso para determinar el contenido genético de las bacterias a partir de la lectura de su ADN.

Esta técnica permite comparar a las bacterias que están ocasionando brotes y poder determinar la bacteria causante.

Detección Molecular Avanzada (DMA)

Es la integración de la epidemiología tradicional, con la SGC y la bioinformática para detectar, rastrear y detener brotes.

Metagenómica

Es el estudio del conjunto de los genomas de un determinado entorno, a partir de muestras de este, sin necesidad de aislar y cultivar sus especies y enfocándose en la recopilación de información genética a través de las secuencias de su material genético.

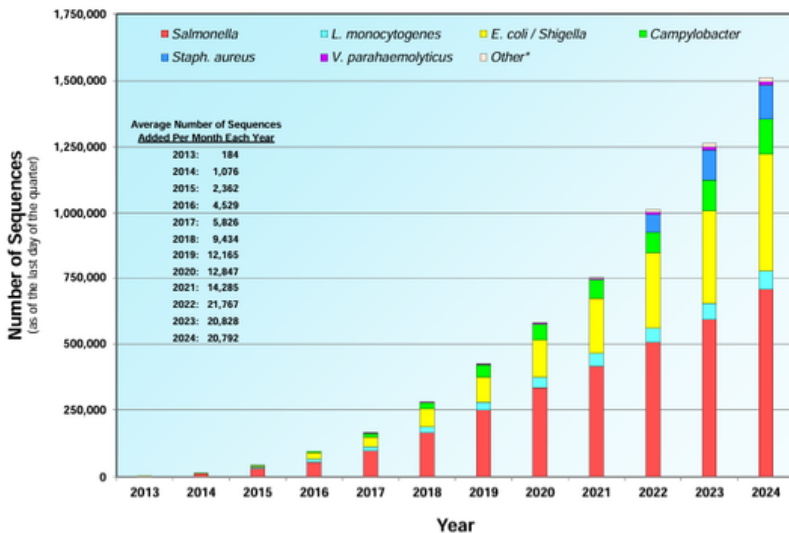
La SGC ha permitido relacionar microorganismos que provienen de muestras de distintos pacientes, alimentos, establecimientos, almacenes, comparando el ADN de las muestras y determinando o descartando su relación.

La base de datos que reúne la información genética de muchos microorganismos están disponibles para facilitar las investigaciones y así frenar las consecuencias de un brote con mayor rapidez. Esta base de datos de referencia recibe el nombre de **GenomeTrakr**.



Parte C

Total Number of Sequences in the GenomeTrakr Database



First sequences uploaded in February 2013

* Other pathogens: *Cronobacter*, *V. vulnificus*, *C. botulinum*, *C. perfringens*, and *Bacillus cereus* group

Esta gráfica nos permite conocer el crecimiento exponencial que ha tenido la base de datos GenomeTrakr en los últimos 11 años. De contar con solo 184 secuencias en el 2013, a superar las 20 mil en el 2024, ofreciendo también una mayor variedad de bacterias secuenciadas a lo largo de estos 11 años.

Año
2025 2026
2027 2028
202.....2035



La FDA utiliza la SGC desde el 2008, sin embargo, con el tiempo se han realizado esfuerzos para que esta tecnología sea utilizada en muchos ramos de la ciencia, entre ellos la epidemiología. Esta tecnología también es utilizada en otros países con la finalidad de alimentar y hacer crecer la base de datos que contiene el genoma de las bacterias que causan brotes, con un alcance geográfico más amplio.

Evolución de la red PulseNet en la implementación de las tecnologías.

1993

Se establece **PulseNet**.

Las inversiones fueron destinadas a acelerar el progreso y desarrollo de:

- **Tecnologías para la inocuidad alimentaria.**
- **Detección molecular avanzada (DMA).**
- **La iniciativa de resistencia a antibióticos.**

2013

CDC utiliza la Secuenciación del Genoma Completo (SGC) para vigilancia de rutina para *Listeria*.

2014

Los resultados de la SGC y DMA permiten tener información mas detallada de los brotes.

2016

El CDC y algunos estados del país expanden el uso de SGC para vigilancia de rutina de *Campilobacter*, *E.coli* y *Samonella*

2019

SGC se convierte en el nuevo estándar de la red PulseNet para detección de patógenos causantes de brotes.

A partir del 2019

CDC y PulseNet han ido incorporando herramientas de laboratorio y análisis de datos que facilitan la investigación, detección y resolución de brotes. Novedosas tecnologías, como la metagenómica permiten la detección del DNA de las bacterias que causan brotes a partir de muestras de los pacientes.



Instrucciones

Tiempo estimado total 60 min

01 5 min INTRODUCCIÓN

02 25 min PRESENTACIÓN INFORMACIÓN

03 10 min EJERCICIO

04 15 min REFLEXIÓN

05 5 min CONCLUSIÓN

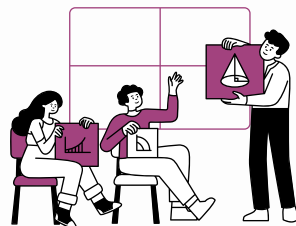
Objetivo: Aprender la importancia de la colaboración entre instituciones y autoridades de salud de los países en las distintas etapas de un brote de enfermedad transmitida por alimentos. Entender cómo la implementación de tecnologías ha cambiado la forma de investigar los brotes.

1. Lee la **Parte A**. Pregunta a los participantes si habían escuchado un caso multinacional y si se imaginaban que en este tipo de hongo podía crecer *Listeria monocytogenes*.



2. Lean la **Parte B de Tecnologías utilizadas en el caso**.

- ¿Habían escuchado antes el término **Secuenciación del Genoma Completo (SGC)** y **Metagenómica**?
- ¿Qué importancia tuvo en este caso la base de datos con la información genética de los microorganismos?



3. Pide a diferentes participantes que lean el año y la cantidad de genomas que se secuenciaron cada año, así como el tipo de microorganismos (**gráfica de la Parte C**).

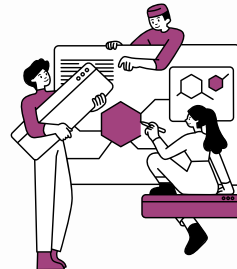


4. Discutan entre todos estas preguntas:

- ¿Porqué cada vez está apareciendo *Listeria monocytogenes* en más productos?
- ¿Qué va a pasar a medida que se siga incrementando la base de datos del Genome Trakr? ¿cómo puede esto impactar en el futuro a las empresas de alimentos?
- ¿Qué beneficio tienen los consumidores de la existencia de PulseNet?



5. Invita al equipo a un cierre de la sesión. Invítalos a investigar cómo se lleva a cabo una investigación de un brote en México. Investiguen si México es parte de la red PulseNet.



Como facilitador de sesión prepárate:

Multinational Outbreak of *Listeria monocytogenes* Infections Linked to Enoki Mushrooms Imported from the Republic of Korea 2016–2020

Material requerido: Acceso a internet y una pantalla.

