



ID 3220. Caracterización genética de aislados de *Listeria monocytogenes* obtenidos en industrias agroalimentarias del sur de España.

Fernando Cardoso-Toset¹, Inmaculada Luque², Carla Palacios-Gorba³, Antonio Romero-Salmoral², Manuela Hernández-García¹, Carmen Tarradas², Juan José Quereda³.

1. Departamento de I+D+i, CICAP, Pozoblanco, Córdoba, España

2. Departamento de Sanidad Animal, UIC Zoonosis y Enfermedades Emergentes ENZOEM, Campus De Excelencia Internacional en Agroalimentación Ceia3, Universidad de Córdoba, España

3. Listeria: Biology and infection Research Group. Departamento de Producción y Sanidad Animal, Salud Pública Veterinaria y Ciencia y Tecnología de los Alimentos, Biology and infection Research Group, Facultad de Veterinaria, Universidad Cardenal Herrera-CEU, CEU Universities, Valencia, España

Tipo de comunicación/Type of communication: Oral

Afiliación/Affiliation: Departamento de I+D+i, CICAP, Pozoblanco, Córdoba, España

Introducción y Objetivo/Background and objectives

Listeria monocytogenes (*Lm*) es un patógeno zoonótico de transmisión alimentaria que cursa con cuadros clínicos graves en embarazadas, niños e inmunodeprimidos. La caracterización de los aislados es esencial para determinar el origen de los brotes. La tipificación de secuencias multilocus (MLST) ha permitido diferenciar linajes genéticos (I-IV), sublinajes y complejos clonales (CC), algunos de ellos asociados a mayor virulencia. La secuenciación genómica completa permite obtener la huella genómica (cgMLST) de cada aislado.

En este trabajo nos propusimos determinar la variabilidad genética de aislados de *Lm* obtenidos en industrias agroalimentarias del sur de España para identificar clones prevalentes y su relación con el origen de las muestras.

Métodos/Methods

Se han caracterizado 78 aislados de *Lm* obtenidos entre los años 2020 y 2024 a partir de productos de origen porcino ($n=53$), rumiantes ($n=24$, 18 ovino, 4 bovino y 2 caprino) y aves ($n=1$) procedentes de diferentes industrias agroalimentarias. Se ha realizado la secuenciación genómica completa de los aislados según la metodología descrita por Moura et al., (2016).

Resultados/Results

Se han identificado 26 tipos de cgMLST distribuidos en dos linajes. Dentro del linaje I ($n=21$), se han detectado 7 CC, siendo mayoritario el CC666 ($n=14$), aunque también se han identificado algunos con mayor importancia clínica (CC1 ($n=1$) y CC4 ($n=1$)). El linaje II ($n=57$), incluyó 9 CC, siendo mayoritarios el CC121 ($n=33$) y el CC9 ($n=16$) habituales en la industria agroalimentaria.

Se han podido detectar las mismas cepas en diferentes industrias, que persisten a lo largo del tiempo (CT2038, CT15351, CT15353, CT15375). De especial interés resulta la detección de la cepa CT15375 en distintas industrias lácteas y cárnicas durante el periodo de 2021 a 2023.

Conclusión y Relevancia/Conclusions and relevance

Se ha detectado una gran diversidad genética de aislados de *Lm* que persisten y circulan entre distintas industrias agroalimentarias, existiendo una presencia minoritaria de aislados asociados a mayor virulencia.