

is responsible for the transmission of these and other diseases and, despite having been eradicated from the country in 1955 with yellow fever control actions, it was reintroduced in the mid-1980s. Since then, different strategies have been used, initially seeking its eradication, such as the *A. aegypti* Eradication Program and, later, its control, such as the National Dengue Control Program. The Wolbachia method, an international initiative financed in Brazil by the Ministry of Health, is conducted by the Oswaldo Cruz Foundation (Fiocruz) and consists of releasing *A. aegypti* infected with the Wolbachia bacteria, which will cross with local mosquitoes and, over time, establish a population exclusively carrying the bacteria. Wolbachia is naturally present in many insects but not in *A. aegypti*, a species in which it prevents the normal development of viruses. Furthermore, negative interference may occur in the hatching of *A. aegypti* eggs. It is an environmentally balanced method, classified as having negligible risk, as the bacteria is not transmitted to humans or other animals, and does not affect ecological systems. In 2015, the implementation of the method began in Niterói and, in 2023, 100% of the municipality was covered by the program. The present work sought to evaluate the variation in building infestation by mosquitoes of the genus *Aedes* in the city of Niterói after implementing the Wolbachia method. After the introduction of the method, the Building Infestation Index (IIP) by *A. aegypti* varied from 1.59% in the first year (2015) to 0.40% in 2023, when there was full coverage of the program in the municipality, with Average IIP of 0.98% in the period 2015-2023. In contrast, the IIP by *Aedes albopictus*, a mosquito species whose presence of Wolbachia is common, increased from 0.14% in 2015 to 0.64% in 2023, with an average IIP of 0.29% in the period. Therefore, there was a 75% reduction in the IIP by *A. aegypti* and a 460% increase in the IIP by *A. albopictus* in the period from 2015 to 2023. These results show the expansion of *A. albopictus* in the territory and a decrease in building infestation by *A. aegypti*. Despite there being no confirmation of natural transmission of arboviruses by this species on the American continent, it is important to signal that this change has been occurring.

Keywords: epidemiological surveillance; arboviruses; World Mosquito Program.

**Detección genómica de atributos de virulencia en *Salmonella enterica* de origen bovino y su asociación con la fuente de aislamiento y el serotipo**  
**Genomic detection of virulence attributes in *S. enterica* of bovine origin and its association with isolation source and serotypes**

Casaux, María Laura; Santiago Neto, Waldemir; D'Alessandro Bruno; Vignoli Rafael; Fraga Martín. *lcasaux@inia.org.uy* Plataforma de Investigación en Salud Animal. Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), La Estanzuela.

En las diferentes etapas de la interacción patógeno-hospedador se activan genes de virulencia que le confieren al microorganismo la capacidad de adherirse, invadir tejidos, sobrevivir intracelularmente entre otras funciones. Estos genes pueden ser cromosómicos, en islas de patogenicidad de *Salmonella* (SPI) o plasmídicos. En bovinos, *Salmonella enterica* se caracteriza por causar diarrea y muerte demostrando su capacidad para generar daño en el hospedador. En este trabajo se exploran los mecanismos de virulencia de *Salmonella* presentes en el genoma de aislamientos de origen bovino con el objetivo de explicar las diferentes presentaciones clínicas de la salmonelosis. Además, se evaluó la relación entre la virulencia, el origen del aislamiento y los serotipos detectados. Se utilizaron las bases de datos *SPIfinder* y *Virulence Factor Data Base* para detectar la presencia de SPI y genes de virulencia en el genoma completo de 75 aislamientos de *S. enterica*. Se evaluó la

asociación entre los genes de virulencia, las fuentes de aislamiento y serotipos detectados por medio de la prueba Fisher-Freeman-Halton. Se identificaron 14 SPI en la colección de aislamientos y todos los genomas presentaron SPI-1, SPI-2, SPI-3 y SPI-9. Estas SPI están asociadas a las funciones del sistema de secreción tipo 3 (SST-3), invasión de células intestinales, apoptosis, patogenia intracelular, sobrevivencia en monocitos y captación de  $Mg^{+2}$ , entre otros. La SPI-1 permite la invasión de enterocitos y se activa cuando el ambiente es ácido. Los productos de expresión de la SPI-2 actúan a nivel intestinal y son necesarios para la propagación de *S. entérica* de forma sistémica mediante la liberación de efectores en el medio intracelular. Las islas C63, una isla no nombrada, SPI-4, SPI-5, SPI-13, SPI-14 se detectaron en más del 90% de los 75 genomas, SPI-8, SPI-10 y SPI-12 no alcanzaron el 10%. SPI-8 sólo se encontró en *S. Agona* y SPI-10 sólo en *S. Dublin*. Entre otras funciones estas islas tienen funciones relacionadas con captación de hierro y magnesio, colonización y persistencia intestinal, regulación, supervivencia en intracelular y funciones en SST-3. Se identificaron múltiples genes relacionados con adherencia fimbrial y sistema de secreción que fueron los más representados, seguidos de adherencia no fimbrial, presencia de toxinas, genes inducibles en macrófagos y resistencia sérica, entre otros. Se determinó que los genes de virulencia que expresan adhesinas fimbriales se encuentran asociadas con los aislamientos de heces y que las salmonelas aisladas de órganos y secreciones de animales muertos, con diagnóstico de salmonelosis, estaban asociados a genes relacionados con la infección sistémica. Estos resultados representan la primera aproximación de los atributos de virulencia que presentan los aislamientos de *Salmonella* obtenidos a partir de bovinos lecheros de Uruguay utilizando el genoma completo de los aislamientos.

Palabras claves: Bovinos; *Salmonella enterica*; atributos de virulencia.

At different stages of the pathogen-host interaction, virulence genes are activated that give the microorganism the ability to adhere, invade tissues, and survive intracellularly, among other functions. These genes can be chromosomal, in *Salmonella* pathogenicity islands (SPI) or plasmid. In cattle, *Salmonella enterica* is characterized by causing diarrhea and death, demonstrating its ability to cause damage to the host. In this work, the *Salmonella* virulence mechanisms present in the genome of isolates of bovine origin are explored to explain the different clinical presentations of salmonellosis. In addition, the relationship between virulence, the origin of the isolate and the detected serotypes was evaluated. The SPIfinder and Virulence Factor Database were used to detect the presence of SPI and virulence genes in the complete genome of 75 *S. enterica* isolates. The association between virulence genes, isolation sources and detected serotypes was evaluated using the Fisher-Freeman-Halton test. Fourteen SPIs were identified and all genomes presented SPI-1, SPI-2, SPI-3 and SPI-9. These SPIs are associated with the functions of the type 3 secretion system (TS-3), intestinal cell invasion, apoptosis, intracellular pathogenesis, survival in monocytes and  $Mg^{+2}$  uptake, among others. SPI-1 allows the invasion of enterocytes and is activated when the environment is acidic. The expression products of SPI-2 act at the intestinal level and are necessary for the systemic propagation of *S. enterica* through the release of effectors into the intracellular medium. The C63 islands, an unnamed island, SPI-4, SPI-5, SPI-13, SPI-14 were detected in more than 90% of the 75 genomes, SPI-8, SPI-10 and SPI-12 did not reach 10%. SPI-8 was only found in *S. Agona* and SPI-10 only in *S. Dublin*. Among other functions, these islands have functions related to iron and magnesium uptake, intestinal colonization and persistence, regulation, intracellular survival and functions in TSS-3. 38 multiple genes related to fimbrial adherence and secretion system were identified as the most represented, followed by non-fimbrial adherence, toxin presence, macrophage-inducible genes and serum resistance, among others. It was determined that those

virulence genes that represent fimbrial adhesins are associated with stool isolates and that those *Salmonella* isolates from organs and secretions were associated with genes related to stages of systemic infection. These results represent the first approximation of the virulence attributes of *Salmonella* isolates obtained from dairy cattle in Uruguay using the complete genome of the isolates.

Keywords: Bovine; *Salmonella enterica*; virulence attributes.

## Monitoreo de la salud mamaria basado en el concepto de Una Salud

María de Lourdes Adrien. *lourdes.adrien@fvet.edu.uy*, Dpto. Ciencias Veterinarias y Agrarias, Facultad de Veterinaria, CENUR Litoral Norte.

La reducción en el uso de antibióticos a nivel mundial ha obligado a la utilización racional de estos medicamentos especialmente para el tratamiento de la mastitis bovina. El objetivo de este trabajo fue presentar el análisis de los indicadores de salud mamaria en un sistema que ha incorporado criterios de uso racional de antibióticos. El establecimiento analizado está ubicado en Paysandú, Uruguay y tiene en promedio de 101 vacas en ordeño. En el mismo se realiza la rutina de ordeño completa, con detección de mastitis clínica, *pre-dipping* y *pos-dipping*. Las vacas paren en dos épocas del año definidas (marzo-abril y julio-agosto). Para cumplir el objetivo, se analizó la información mensual del recuento de células somáticas (RCS) individual, analizando el porcentaje de vacas enfermas ( $\geq 200000$  cél/mL), porcentaje de nuevas infecciones mensual, el RCS en leche de tanque y la incidencia de mastitis clínica mensual. El periodo analizado fue desde enero de 2023 a junio de 2024. En el mismo el 79,1% (Máx. 88,1- Min. 68,4%) de las vacas estaban sanas mensualmente. A su vez, tomando en cuenta la cantidad de vacas que eran sanas en el mes previo (RCS  $< 200000$  cél/mL) se estimó el porcentaje de nuevas infecciones, determinado un promedio de 11,1% (Máx. 23,9-Min. 1,9%). Con relación a la leche de tanque, el RCS promedio para el periodo evaluado fue de 236191 cél/mL con un rango de 170385 a 281929 cél/mL. De los 18 meses evaluados, en 6 meses, el RCS en leche de tanque fue superior a 250000 cél/mL, siendo este el límite máximo. Tanto en 2023 como en 2024, los meses en que se dio este incremento en el RCS fue en enero, febrero y marzo, además en julio de 2023. En relación a la mastitis clínica se contabilizaron todos los casos de mastitis que ocurrieron en el periodo. En 2023 hubo 75 casos de mastitis clínica totales, siendo un 6,7% de los casos mastitis grado 2 y el resto grado 1 o leves (93,3%). Del total de mastitis leves, se realizó el cultivo en tambo en 51 casos (73%), resultando el 15,7% de casos por bacterias Gram negativas (Gram -), el 21,6% Gram positivas (Gram +) y 62,7% sin desarrollo bacteriano. Mientras tanto en el primer semestre de 2024, hubo 24 casos de mastitis clínica, siendo 3 grado 2 (12,5%) y 21 casos grado 1 (87,5%). De estos casos se hizo cultivo en tambo de 10, resultando el 50% de los casos causados por bacterias Gram + y en el resto no hubo desarrollo. Solamente fueron tratados con antibióticos, vía parenteral, los casos con cultivo Gram + de mastitis grado 1 y todos los casos de mastitis grado 2. La incidencia mensual de mastitis clínica varió desde 18,1% a 2,2%, relacionándose la mayor cantidad de casos con los altos RCS en leche de tanque. El análisis de la información mes a mes, permite el monitoreo del plan de control de la mastitis, siendo necesario el ajuste de los protocolos y la capacitación del personal de forma permanente.

Palabras clave: salud mamaria, resistencia de antibióticos, bovinos de leche, inocuidad.