Frente Marítimo
Publicación de la CTMFM
2025

PRIMER REPORTE DE DETECCIÓN Y CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE *Vibrio mimicus* EN EL RÍO DE LA PLATA POR SECUENCIACIÓN DE GENOMA COMPLETO

Jurquiza V.[1a], Haim M.S.[2], Moroni M.[3], Viñas M.R.[3], Poklépovich T.[2], Campos J.[2]

[1]Instituto Nacional de Investigación y Desarrollo Pesquero INIDEP, Mar del Plata, Buenos Aires, Argentina.
[2]Unidad Operativa Centro Nacional de Genómica y Bioinformática, UOCNGB-ANLIS "Dr. Carlos G. Malbrán", CABA, Argentina.
[3]Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas INEI-ANLIS S "Dr. Carlos G. Malbrán", CABA, Argentina.

FIRST REPORT ON DETECTION AND MOLECULAR CHARACTERIZATION OF *Vibrio mimicus* IN THE RIO DE LA PLATA BY WHOLE GENOME SEQUENCING

Summary: *Vibrio mimicus* is an aquatic environment autochthonous microorganism considered, at present, as an emergent pathogen. It may be isolated from human cases of gastroenteritis, wound infections, bacteremia and otitis. It may also be associated with aquatic animal diseases. Although it was described initially as an atypical nonpathogenic species of *Vibrio cholerae* to which is closely related, it is now recognized as a different species. One of the objectives included in the multidisciplinary survey plan of research cruise VA12/19 was the study of potentially pathogenic species of the genus *Vibrio*. During the survey, surface water samples were collected at twelve stations distributed along three transects, located from the coast to the continental slope. In sampling station 4 of the central transect that includes some stations in the Rio de la Plata, *V. mimicus* was detected with biochemical tests and by the MALDI-TOF technology. To fully characterize and confirm the identification of the isolate, genomic DNA was sequenced using Illumina NovaSeq 6000 platform (2x150pb). The identification of *V. mimicus* was confirmed. Virulence and antibiotic resistance (SST6, *csqA, luxS, varG*) genes were detected. Conversely, plasmid replicons in the genome were not detected. Taking into consideration that this microorganism is recognized as causal agent of human and animal diseases, our results point out the need to continue studies on its evolution and biology and strengthen the knowledge on the identification of virulence and antibiotic resistance factors that may affect the pathogenic potential of this bacteria.

Key words: *Vibrio mimicus*, aquatic environment, massive sequencing, virulence factors.

Resumen: *Vibrio mimicus* es un microorganismo autóctono de ambientes acuáticos y actualmente es considerado un patógeno emergente. Suele aislarse de casos de gastroenteritis, infecciones de heridas, bacteriemia y otitis en humanos. Además, puede estar implicado en enfermedades de animales acuáticos. En un principio, se describió como una especie atípica no patógena de *Vibrio cholerae;* en la actualidad, a pesar de estar estrechamente relacionadas, se la reconoce como una especie diferente. Uno de los objetivos incluidos en el plan de trabajo de la campaña de investigación multidisciplinaria VA12/19 fue el estudio de especies potencialmente patógenas del género *Vibrio*. Durante la campaña, se recolectaron muestras de agua superficial en doce estaciones distribuidas a lo largo de tres transectas ubicadas desde la costa hasta el talud continental. En la estación 4 de la transecta central, que incluyó algunas estaciones en el Río de la Plata se detectó *V. mimicus* por pruebas bioquímicas y por tecnología MALDI-TOF. Para caracterizar con mayor detalle y confirmar la identificación del aislamiento, se secuenció el ADN genómico con la plataforma Illumina NovaSeq 6000 (2x150pb). Se confirmó su identificación, como así también, la detección de genes de virulencia y genes de resistencia antibiótica (SST6, *csqA, luxS, varG*); no fueron detectados replicones plasmídicos en el genoma. Considerando que dicho microorganismo ha sido vinculado como agente causal de enfermedades en humanos y animales, este trabajo pone de manifiesto la necesidad de continuar los estudios sobre su evolución y biología, y también profundizar sobre qué factores de virulencia y de resistencia antibiótica podrían influir en el potencial patogénico de la bacteria.

Palabras Clave: *Vibrio mimicus*, ambiente acuático, secuenciación masiva, factores de virulencia.

INTRODUCCIÓN

Vibrio es un género de bacterias presentes en una amplia variedad de hábitats acuáticos. Incluye especies que han estado implicadas en infecciones tanto en humanos como animales, y son consideradas responsables de la mayoría de las enfermedades humanas atribuidas a la microbiota natural de los ambientes acuáticos y por el consumo de mariscos (Baker-Austin et al. 2018).

Vibrio mimicus puede causar enfermedad en humanos y muerte masiva en animales acuáticos, actualmente es considerado un patógeno emergente (Austin 2010, Raja et al. 2017, Yu et al. 2020). Ha sido aislado de casos de gastroenteritis, infecciones de heridas, bacteriemia y otitis (Shandera et al. 1983, Mueller et al. 2016, Alam et al. 2023). En acuicultura puede infectar a camarones, cangrejos y peces provocando enfermedades de corta duración con altas tasas de mortalidad (Geng et al. 2014). Los principales vectores de transmisión son el agua y el consumo de productos marinos crudos o mal cocidos (CDC, 2010). En acuicultura, toman especial importancia los microplásticos debido a que son colonizados por bacterias patógenas, entre

[a] *jurquiza@inidep.edu.ar*

ellas *V. mimicus*, formando biopelículas protectoras y de esta manera constituyen amenazas móviles, duraderas y de difícil remoción en las granjas de cultivo (Cholewińska et al. 2022).

En un principio, fue descripto como una cepa atípica no patógena de *Vibrio cholerae* debido a la similitud genética y ecológica entre ambas: las mismas comparten nichos ambientales similares en ecosistemas de agua dulce y estuarios (Neogi et al. 2019). Actualmente, se consideran especies diferentes estrechamente relacionadas y comparten casi el 64% de su genoma (Davis et al 1981, Ceccarelli et al. 2019). Estudios genómicos apoyan la hipótesis de que, en el curso de la evolución, *V. cholerae* y *V. mimicus* se separaron de un ancestro común con una columna vertebral prototípica de la sexta pandemia. Algunas cepas de *V. mimicus* producen la toxina del cólera (CTX) y pueden causar enfermedad grave similar al cólera. Sin embargo, a diferencia de *V. cholerae*, *V. mimicus* no se ha asociado a epidemias de diarrea similares al cólera (Shinoda et al 2004, Hasan et al. 2010). Por otra parte, en *V. mimicus* los mecanismos de patogenicidad aún no están del todo dilucidados y son escasos los conocimientos sobre su evolución y biodiversidad; hasta el momento se han descripto varios factores de virulencia semejantes a los detectados en otras especies del género *Vibrio* (Guardiola-Avila et al. 2021). En el trabajo de Chowdhury et al. (2004), se informó que menos del 10 % de los aislamientos clínicos y menos del 1 % de las cepas ambientales producen toxina tipo cólera (CTX). Además, produce dos tipos de hemolisinas, una termolábil y otra termoestable, esta última estrechamente relacionada con la hemolisina directa termoestable (TDH) de *Vibrio parahaemolyticus* (Miyoshi et al. 1997). Se han descrito también la presencia de proteasas, sideróforos, sistemas de secreción de proteínas (SSTT) y varias hemaglutininas, relacionadas con la adherencia a la mucosa intestinal; y se encontró una semejanza metabólica y la presencia de cápsula al igual que *Vibrio vulnificus* (Alam et al. 1997ab, Hasan et al. 2010, Guardiola-Avila et al. 2015, Yu et al. 2020). Dichas semejanzas responden a la denominación de la especie debido a que, no solo mimetiza con *V. cholerae*, sino que también tiene características semejantes a otros miembros de la familia *Vibrionaceae*, compartiendo con ellos factores de virulencia. (González-Vázquez et al. 2005).

En Latinoamérica son escasos los reportes de casos clínicos debidos a este microorganismo, sin embargo, se han detectado casos de gastroenteritis aguda en Perú, México y Costa Rica y, a nivel mundial, se reportó un gran brote en Tailandia que afectó a 306 personas que habían asistido a una cena en la cual consumieron diferentes platos preparados con pescados y mariscos de agua dulce (Campos et al. 1996, Zamudio 2005, Chitov et al. 2009). Además, en general se observa un aumento de las vibriosis debido en parte, a la propagación de *Vibrio* spp. favorecidos por el cambio climático y el aumento de la temperatura del agua de mar (Baker-Austin et al. 2018).

Debido a la importancia de *V. mimicus* como patógeno humano y animal, es necesario conocer más acerca de su evolución. Actualmente, la disponibilidad de secuencias genómicas de aislamientos de *V. mimicus* permite estudiar la evolución y el potencial patogénico de esta especie. En este estudio, que tuvo como objetivo evaluar la presencia de reservorios ambientales de vibrios potencialmente patógenos, se describió el primer reporte de aislamiento de *V. mimicus* en el ambiente acuático de Argentina por secuenciación de nueva generación (NGS) del genoma completo y se profundizó en la búsqueda de genes de interés epidemiológico, como factores de virulencia y genes de resistencia antibiótica; con el fin de aportar información acerca del posible potencial patogénico de esta especie.

MATERIALES Y MÉTODOS

Durante la campaña de investigación multidisciplinaria VA12/19 se recolectaron muestras de agua superficial en doce estaciones distribuidas a lo largo de tres transectas ubicadas desde la costa hasta el talud continental (Figura 1).

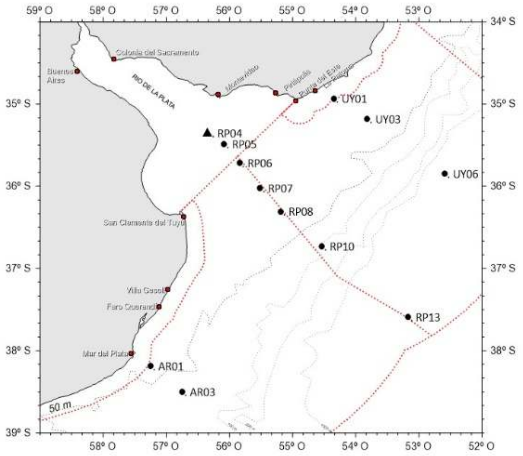

Figura 1: Sitios de muestreo de la campaña VA12/19.

Las muestras se procesaron por filtración a través de filtros de membrana de 0,22 µm de porosidad. Los filtros fueron colocados en Agua de Peptona Alcalina (APA; peptona 1%; NaCl 1%; pH 8,5; con NaOH 3M) y se incubaron a 37 °C durante 6-8 horas. Posteriormente se realizaron repiques en medios selectivos TCBS (agar tiosulfato-citrato-sal de Bilis-sacarosa) y CHROMAgar *Vibrio* desde donde se aislaron colonias presuntivas. Se realizó la identificación mediante pruebas bioquímicas y el sistema de identificación por espectrometría de masas MALDI-TOF (por sus siglas en inglés *Matrix-Assisted Laser Desorption/Ionization)*.

El ADN genómico se extrajo de manera automatizada utilizando el kit comercial QIAamp DNA Mini QIAcube (Qiagen). Posteriormente, las bibliotecas se prepararon con el kit CovidSeq y las secuencias del genoma completo se obtuvieron con la tecnología Illumina NovaSeq (2x150pb). La calidad de las secuencias crudas fue evaluada mediante los programas FastQC y Kraken (Andrews (n.d), Wood & Salzberg 2014). Las secuencias se ensamblaron *de novo* empleando el programa Unicycler, y con Quast se realizó el control de calidad del mismo (Gurevich et al. 2013, Wick et al. 2016, Mikheenko et al. 2016, 2018). Los *contigs* obtenidos fueron anotados usando el *software* Prokka (Seeman 2014). El genoma obtenido fue identificado a nivel de especie por distintas estrategias: rMLST con el esquema disponible en PubMLST (Tipificación de Secuencia Multilocus Ribosomal), cálculo del ANI (Identidad promedio de nucleótidos), dDDH (hibridación *in silico* de DNA-DNA utilizando la plataforma TYGS -*Type Strain Genome Server*) y análisis filogenéticos a partir de variantes de un único nucleótido (SNPs) presentes en el genoma *core* de una colección de genomas de distintas

especies del género *Vibrio* utilizando los *softwares* roary, SNP-sites e IQ-TREE (Page et al. 2015, 2016, Nguyen et al. 2015). Además, se buscaron determinantes de resistencia a antibióticos, virulencia y presencia de replicones plasmídicos utilizando los *softwares* ABRicate y ARIBA con las bases de datos Resfinder, CARD (The Comprehensive Antibiotic Resistance Database), VFDB (Virulence factor databse) y PlasmidFinder, respectivamente (Jolley et al. 2012, Zankari et al. 2012, Carattoli et al 2014, Chen et al. 2016, Rodriguez & Konstantinidis 2016, Seeman 2016, Meier-Kolthoff & Göker 2019, Meier-Kolthoff et al. 2022, Alcock et al. 2023).

Genoma disponible públicamente

Los datos de las lecturas del genoma de *V. mimicus* denominado: VC28A, analizadas en esta publicación están disponibles públicamente en la base de datos SRA del Centro Nacional para la Información Biotecnológica **(**NCBI, por sus siglas en inglés), en el bioproyecto ID: PRJNA1016364, con el número de acceso: SRR26050770.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Identificación bioquímica y por espectrometría de masas (MALDI-TOF*)*

En la estación 4 (Lat.-35,35/Long.-56,35) de la transecta central que incluyó algunas estaciones en el Río de la Plata, se detectó *V. mimicus* por pruebas bioquímicas y por tecnología MALDI-TOF. Los datos oceanográficos indicaron una salinidad de 10,12 ups y una temperatura de 20,4ºC. La baja salinidad detectada en esta estación y una temperatura por encima de los 15ºC favorecería la proliferación de bacterias del género *Vibrio*; distintos autores mencionan que este patrón de efectos combinados de altas temperaturas y bajas salinidades influiría en la abundancia de *Vibrio* spp. (Martínez-Urtaza et al. 2008). Datos recientes han demostrado un aumento de la incidencia de enfermedades asociadas a *Vibrio* a nivel mundial y coinciden, con que el cambio climático como consecuencia del calentamiento global, conllevaría el potencial de aumentar los riesgos derivados de infecciones transmitidas por el agua, los periodos cálidos más frecuentes y prolongados contribuyen a la concentración de patógenos en el agua (Dupke et al. 2023). Además de las enfermedades humanas, también se han recopilado pruebas que vinculan las infecciones por *Vibrio* con el aumento de la mortalidad masiva de la vida marina en el entorno marino costero (Vezzulli et al. 2010).

Identificación y caracterización molecular por secuenciación de genoma completo (NGS)

La calidad de los genomas obtenidos fue comparable a la de otros genomas disponibles en bases de datos públicas. El ensamblado del genoma de VC28A generó 61 *contigs* de más de 1000 pb, con una longitud media de *contig* de 25620 pb, un N50 de 253296 pb y un L50 de 6. El tamaño aproximado del genoma fue de 4,26 Mb con un porcentaje de GC de 46,4%.

Los resultados de la identificación del genoma utilizando diferentes estrategias se muestran en la Tabla 1. Se obtuvieron resultados similares con los cuatro análisis realizados. La identidad promedio de nucleótidos (ANI) con un valor de 97.37% y la dDDH con un valor de 76.3% permitieron confirmar la especie; un valor de identidad de ANI 95-96% y de dDDH del 70%, son los valores mínimos para considerar a un organismo dentro de una especie (Kim et al. 2014). Además, estos resultados fueron respaldados por el análisis del rMLST con un soporte del 97%. Además, el genoma de VC28A agrupó con otros pertenecientes a la especie *V. mimicus* confirmando nuevamente su identificación por el análisis filogenético realizado a partir del alineamiento de SNPs (Figura 2).

Respecto a la búsqueda por mapeo específico de genes de virulencia y de resistencia antibiótica, se detectaron genes involucrados en la producción de exoenzimas, en el sistema de comunicación bacteriana *quorum sensing*, en la movilidad flagelar, en la formación de biofilms, y en los mecanismos de interacción célula-célula, como los sistemas de secreción tipo II y VI (T2SS/T6SS) (Tabla 2). Nuestros resultados coinciden con estudios publicados recientemente por distintos autores, que señalan la presencia en cepas ambientales de *V. mimicus,* de genes asociados a patogenicidad, como cápsula, biopelícula, flagelos laterales, pilus, proteínas para la producción de exopolisacáridos, sistema de secreción tipo 3/6 , hemolisina (TDH)-*like* y RTX, entre otros (Shinoda et al. 2004, Guardiola-Avila et al. 2015, Yu et al. 2019). Además, los sistemas de secreción de tipo VI estarían implicados en la inyección de proteínas en las células eucariotas (Dobrindt 2015, Dow 2017). Se postula que los genes marcadores de virulencia podrían estar involucrados en la colonización, invasión y destrucción de los tejidos del huésped y su presencia podría deberse a la plasticidad genómica, eventos de transferencia horizontal y/o relaciones filogenéticas con otras bacterias del género estrechamente relacionadas (Guardiola-Avila et al. 2013, Tercero Arburo et al. 2014).

Tabla 1. Resultados de la identificación del genoma ensamblado con los programas ANI, dDDH, rMLST y análisis filogenético (genoma *core*).

Aislamiento	Identificación						
	ANI	%	dDDH (TYGS)	%	rMLST	%	Análisis filogenético (genoma *core*)
VC28A	*V. mimicus*	97.37	*V. mimicus*	76.3	*V. mimicus*	97	*V. mimicus*

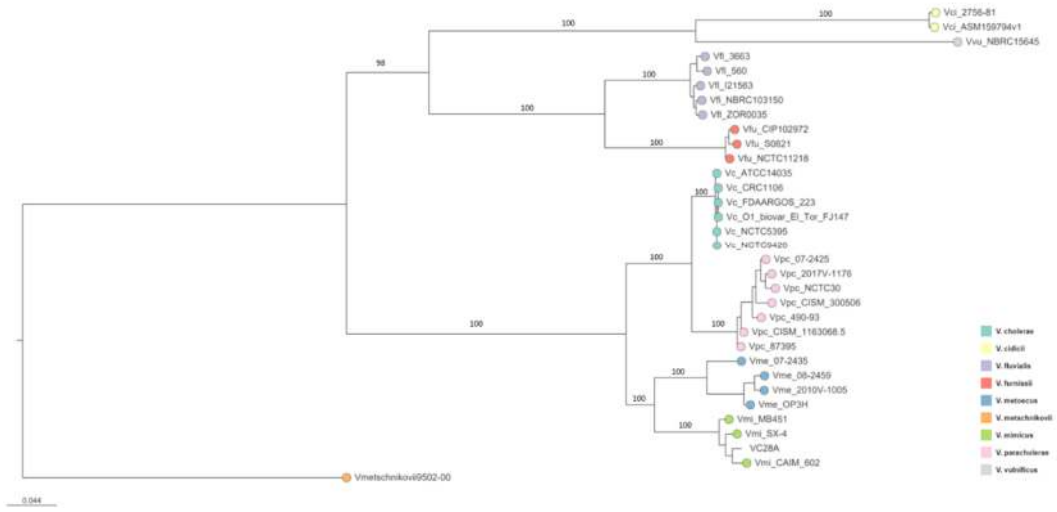

Figura 1. Árbol filogenético construido a partir del análisis de SNPs en el genoma *core* de VC28A y genomas de representantes de otras especies de *Vibrio*, enraizado en *V. metschnikovii* y con 1000 réplicas de *bootstrap*.

Tabla 2. Reporte de mapeo de genes de virulencia.

Aislamiento	Genes	% Ident.	Database	Producto
VC28A	*cqs*A	81,7	Vfdb	CAI-1. Autoinductor sintasa
	*vip*A-B/*mgl*A-B	91	Vfdb	T6SS Proteína formadora de túbulos
	*VCA*0109	89,5	Vfdb	T6SS
	*vas*A-D-E-F-J	80,7-88	Vfdb	T6SS
	*clp*B/*vas*G	83	Vfdb	T6SS AAA+ familia ATPasa
	*icm*F/*vas*K	83,4	Vfdb	T6SS proteína de la membrana interna
	hcp-2	96,53	Vfdb	T6SS
	*vgr*G	91,34	Vfdb	T6SS
	*lux*S	88	Vfdb	S-ribosilhomocisteinasa
	*che*A-B-W-Y	90,1-91,3	Vfdb	proteína de quimiotaxis
	*eps*C-D	90-95	Vfdb	T2SS
	fla/fle/flgflh/fli/flr	90-98	Vfdb	Proteínas flagelares
	*mot*X-Y	90,1-90,4	Vfdb	Proteína flagelar
	*nan*H	94,9	Vfdb	Exoenzima/Sialidasa

Vfdb: *Virulence Factor database*. T2SS: Sistema de secreción tipo II. T6SS: Sistema de secreción tipo VI

En cuanto a la búsqueda de genes de resistencia antibiótica, fue detectado el gen *var*G (*Vibrio Antibiotic Resistance*) que confiere resistencia antibiótica a betalactámicos. Estudios recientes informaron la detección de una metalo-β-lactamasa (MBL) denominada *varG* en *V. cholerae y V. parahaemolyticus*, que demostró tener actividad β-lactamasa contra penicilinas, cefalosporinas y carbapenémicos, teniendo la mayor actividad contra meropenem (Lin et al. 2017). La detección de resistencia en bacterias ambientales en concordancia con diferentes reportes que mencionan un aumento de detección de genes de resistencia en bacterias del género *Vibrio,* destacan la problemática global acerca de la presencia y la posible transmisión de reservorios ambientales de resistencia antibiótica (Santiago et al. 2009, Letchumanan et al. 2015). Para finalizar con la caracterización molecular, no fueron encontrados replicones plasmídicos en el genoma utilizando los *softwares* ABRicate y ARIBA con la base de datos Plasmidfinder.

CONCLUSIONES

Se confirmó el primer reporte de detección de *V. mimicus* ambiental por secuenciación del genoma completo en el Río de la Plata y fueron determinados factores de virulencia y genes de resistencia antibiótica asociados; si se considera que dicho microorganismo ha sido vinculado como agente causal de enfermedades en humanos y animales, este trabajo pone de manifiesto la necesidad de continuar los estudios y profundizar sobre los factores de virulencia y la resistencia antibiótica que puedan influir en el potencial patogénico de la bacteria.

AGRADECIMIENTOS

Los autores agradecen a Silvina Izzo y Analía García por su participación en la preparación de material de laboratorio, muestreo y procesamiento de muestras a bordo, y a María Constanza Hozbor por su colaboración en la confección de las figuras.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Alam M., S. Miyoshi, K. Tomochika, S. Shinoda (1997a) *Vibrio mimicus* attaches to the Intestinal Mucosa by Outer Membrane Hemagglutinins Specific to Polypeptide Moieties of Glycoproteins. Infect Immun 65: 3662-3665.

Alam M., S. Miyoshi, Y. Sonoda, M. Chowdhury, K. Tomochika, S. Shinoda (1997b) Role of a protease in the adherence and enterotoxicity of *Vibrio mimicus*. World J Microbiol Biotechnol 13: 37-41.

Alam M.T., S.R. Stern, D. Frison, K. Taylor, M.S. Tagliamonte, S. Nazmus, T. Paisie, N.B. Hilliard, R.G. Jones, N.M. Iovine, K. Cherabuddi, C. Mavian, P. Myers, M. Salemi, A. Ali, J.G. Morris (2023) Seafood-Associated Outbreak of ctx-Negative *Vibrio mimicus* Causing Cholera-Like Illness, Florida, USA. Emerging Infec Dis 29 (10): 2141-2144.

Alcock BP, W. Huynh, R. Chalil, K.W. Smith, A.R. Raphenya, M.A. Wlodarski, A. Edalatmand, A. Petkau, S.A. Syed, K.K. Tsang, S.J.C. Baker, M. Dave, M.C. McCarthy, K.M. Mukiri, J.A. Nasir, B. Golbon, H. Imtiaz, X. Jiang, K. Kaur, M. Kwong, Z.C Liang, K.C. Niu, P. Shan, J.Y.J. Yang, K.L. Gray, G.R. Hoad, B. Jia, T. Bhando, L.A. Carfrae, M.A. Farha, S. French, R. Gordzevich, K. Rachwalski, M.M. Tu, E. Bordeleau, D. Dooley, E. Griffiths, H.L. Zubyk, E.D. Brown, F. Maguire, R.G. Beiko, W.W.L. Hsiao, F.S.L. Brinkman, G. Van Domselaar, G. McArthur (2023) CARD 2023: expanded curation, support for machine learning, and resistome prediction at the Comprehensive Antibiotic Resistance Database. Nucleic Acids Res. 6-51(D1): D690-D699.

Andrews S. (n.d). FastQC A Quality Control tool for High Throughput Sequence Data. http://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc/. (consultado el 25 de octubre de 2023)

Austin B (2010) Vibrios as causal agents of zoonoses. Vet Microbiol 140: 310-317.

Baker-Austin C., J.D. Oliver, M. Alam, A. Ali, M.K. Waldor, F. Qadri, J. Martinez Urtaza (2018) *Vibrio* spp. infections. Nat Rev Dis Primers 4, 1–19.

Centers for Disease Control and Prevention-CDC (2010) Notes from the field: *Vibrio mimicus* infection from consuming crayfish --- Spokane, Washington. Morb Mortal Wkly Rep. 59 (42): 1374.

Campos E., H. Bolaños, M. Acuña, G. Díaz, M. Matamoros, H. Raventos, L.M. Sánchez, O. Sánchez, C. Barquero (1996) *Vibrio mimicus* diarrhea following ingestion of raw turtles eggs. Applied Environ Microbiol 62: 1141-1144.

Carattoli A., E. Zankari, A. García-Fernández, M. Voldby Larsen, O. Lund, L. Villa, F. Møller Aarestrup, H. Hasman (2014) In silico detection and typing of plasmids using Plasmid Finder and plasmid multilocus sequence typing. Antimicrob Agents Chemother 58(7): 3895-903.

Ceccarelli D., C. Amaro, J.L. Romalde, E. Suffredini, L. Vezzulli (2019) *Vibrio* Species. *In* M.P. Doyle, F. Diez-Gonzalez, C. Hill (ed). Food Microbiol: 347-388. ASM Press, Washington, DC.

Chen L., D. Zheng, B. Liu, J. Yang, Q. Jin (2016) VFDB 2016: hierarchical and refined dataset for big data analysis--10 years on. Nucleic Acids Res 4;44(D1): D694-7.

Chitov T., P. Kirikaew, P. Yungyune, N. Ruengprapan, K. Sontikun (2009) An incidence of large foodborne outbreak associated with *Vibrio mimicus*. Eur J Clin Microbiol Infect Dis 28: 421–424.

Cholewińska P., H. Moniuszko, K. Wojnarowski, P. Pokorny, N. Szeligowska, W. Dobicki, R. Polechoński, W. Górniak(2022) The Occurrence of Microplastics and the Formation of Biofilms by Pathogenic and Opportunistic Bacteria as Threats in Aquaculture. Int J Environ Res Public Health 19(13): 8137.

Chowdhury A., M. Ishibashi, V.D. Thiem, D.T.N. Tuyet, T. Van Tung, B.T. Chien, L. von Seidlein, D.G. Canh, J. Clemens, D.D. Trach, M. Nishibuchi (2004) Emergence and Serovar Transition of *Vibrio parahaemolyticus* Pandemic Strains Isolated during a Diarrhea Outbreak in Vietnam between 1997 and 1999. Microb. Immun. 48: 319–327.

Davis B., R. Fanning, J. Madden, A. Steigerwalt, H. Bradford, H. Smith H, D. Brenner (1981) Characterization of Biochemically Atypical *Vibrio cholerae* Strains and Designation of a New Pathogenic Species, *Vibrio mimicus*. J Clin Microbiol 14: 631-639.

Dobrindt U, J. Hacker (2006) Mobile genetic elements and pathogenicity islands encoding bacterial toxins. Chapter 3: 44-63. The Comprehensive Sourcebook of Bacterial Protein Toxins (Third Edition) Ed(s): Joseph E. Alouf, Michel R. Popoff. Academic Press.

Dow J.M. (2017) Diffusible signal factor-dependent quorum sensing in pathogenic bacteria and its exploitation for disease control. *J Applied Microbiol* 122 (1): 2-11.

Dupke S., U. Buchholz, J. Fastner, C. Förster, C. Frank, A. Lewin, V. Rickerts, H.C. Selinka (2023) Impact of climate change on waterborne infections and intoxications. J Health Monit. 1 (8) (Suppl 3): 62-77.

Geng Y., D. Liu, S. Han, Y. Zhou, K.Y. Wang, X.L. Huang, D.F. Chen, X. Peng, W.M. Lai (2014) Outbreaks of vibriosis associated with *Vibrio mimicus* in freshwater catfish in China. Aquaculture 433: 82-84.

González-Vázquez E, J. Tercero, E. Quiñónez, C. Vázquez (2005) El hermano pequeño del cólera *Vibrio mimicus*. Rev Dig Univer 6: 1-8.

Guardiola-Ávila I., E. Acedo-Félix, L. Noriega-Orozco, G. Yepiz-Plascencia, I. Sifuentes-Romero, B. Gómez-Gil (2013) Draft genome sequence of *Vibrio mimicus* strain CAIM 602T. Genome Announc 1 (2): e0008413.

Guardiola-Avila I., L. Noriega-Orozco, B. Gómez-Gil, E. Acedo-Félix (2015) Factores de virulencia de *Vibrio mimicus*. Biotecnia / XVII (2): 38-49.

Guardiola-Avila I., L. Sánchez-Busó, E. Acedo-Félix, B. Gomez-Gil, M. Zúñiga-Cabrera, F. González-Candelas, L. Noriega-Orozco (2021) Core and Accessory Genome Analysis of *Vibrio mimicus*. Microorganisms 18, 9(1): 191.

Gurevich, A., Saveliev, V., Vyahhi, N., & Tesler, G. (2013) QUAST: quality assessment tool for genome assemblies. Bioinformatics, 29(8), 1072–1075. https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btt086

Hasan N.A., C.J. Grim, B.J. Haley, J. Chun, M. Alam, E. Taviani, M. Hoq, A.C. Munk, E. Saunders, T.S. Brettin, D.C. Bruce, J.F. Challacombe, J.C. Detter, C.S. Han, G. Xie, G.B. Nair, A. Huq, R.R. Colwell (2010) Comparative genomics of clinical and environmental *Vibrio mimicus*. Proc Natl Acad Sci 107 (49): 21134-9.

Jolley K.A., C.M. Bliss, J.S. Bennett, H.B. Bratcher, C. Brehony, F.M. Colles, H. Wimalarathna, O.B. Harrison, S.K. Sheppard, Cody AJ, M.C.J. Maiden (2012) Ribosomal multilocus sequence typing: universal characterization of bacteria from domain to strain. Microbiology 4: 1005-1015.

Kim E.J., D. Lee, S.H. Moon, C.H. Lee, S.J. Kim, J.H. Lee, J.O. Kim, M. Song, B. Das, J. D. Clemens, J.W. Pape, G.B. Nair, D.W. Kim (2014) Molecular Insights Into the Evolutionary Pathway of *Vibrio cholerae* O1 Atypical El Tor Variants. PLoS Pathog 10(9): e1004384

Letchumanan V., W.F. Yin, L.H. Lee, K.G. Chan (2015) Prevalence and antimicrobial susceptibility of Vibrio parahaemolyticus isolated from retail shrimps in Malaysia. Front Microbiol. 30 (6): 33.

Lin H., T. Massam-Wu, C.P. Lin, Y.J.A. Wang, Y.C. Shen, W.J. Lu, Hsu P.H., H.C. Yu, M.I. Borges-Walmsley, A.R. Walmsley (2017) The *Vibrio cholerae* var regulon encodes a metallo-β-lactamase and an antibiotic efflux pump, which are regulated by VarR, a LysR-type transcription factor. PLoS ONE 12(9): e0184255.

Martínez-Urtaza J., B. Huapaya, R.G. Gavilán, V. Blanco-Abad, J. Ansede-Bermejo, C. Cardaso-Suaréz, A. Figueras, J. Triñanes (2008) Emergence of asiatic *Vibrio* diseases in South America in phase with El Niño. Epidemiology 19 (6): 829-837.

Meier-Kolthoff J.P., M. Göker (2019) TYGS is an automated high-throughput platform for state-of-the-art genome-based taxonomy. *Nat Commun* 10: 2182.

Meier-Kolthoff J.P., J. Sardà Carbasse, R.L. Peinado-Olarte, M. Göker (2022) TYGS and LPSN: a database tandem for fast and reliable genome-based classification and nomenclature of prokaryotes. *Nucleic Acid Res* 50: D801–D807.

Mikheenko A., A. Prjibelski, V. Saveliev, D. Antipov, A. Gurevich (2018) Versatile genome assembly evaluation with QUAST-LG. Bioinformatics 34 (13): i142–i150.

Miyoshi S.I., K. Sasahara, S. Akamatsu, M.M. Rahman, T. Katsu, K.I. Tomochika, S. Shinoda (1997) Purification and Characterization of a Hemolysin Produced by *Vibrio mimicus*. Infect Immun 65: 1830-1835.

Muller S., H. Chau, K. Boudreaux (2016*) Vibrio mimicus* as the Rare Cause of Acute Diarrheal Illness. J La State Med Soc. 168(6):192-193.

Neogi S.B., N. Chowdhury, S.P. Awasthi, M. Asakura, K. Okuno, Z.H. Mahmud, M.S. Islam, A. Hinenoya, G.B. Nai, S. Yamasaki (2019) Novel Cholera Toxin Variant and ToxT Regulon in Environmental *Vibrio mimicus* Isolates: Potential Resources for the Evolution of Vibrio cholerae Hybrid Strains. Appl Environ Microbiol 23;85(3): e01977-18.

Nguyen L. T., H.A. Schmidt, A. Von Haeseler, B.Q. Minh (2015) "IQ-TREE: A fast and effective stochastic algorithm for estimating maximum-likelihood phylogenies," Mol Biol Evol 32 (1): 268–274.

Page AJ., C.A Cummins, M. Hunt, V.K. Wong, S. Reuter, M.T. Holden, M. Fookes, D. Falush, J.A. Keane, J. Parkhill (2015). Roary: rapid large-scale prokaryote pan genome analysis. Bioinformatics 15;31(22):3691-3.

Page A.J., B. Taylor, A.J. Delaney, J. Soares, T. Seemann, J.A. Keane, S.R. Harris (2016). SNP-sites: rapid efficient extraction of SNPs from multi-FASTA alignments. Microb Genom. 29;2(4): e000056.

Raja R.A., A. Panigrahi, D. De, S. Kumar (2017) Investigaciones sobre el brote de la enfermedad de la mancha blanca en *Penaeus monodon* (Fabricius, 1798) en asociación con la infección por *Vibrio mimicus* en Sunderbans, Bengala Occidental, India. Rev India de Pesca 64 (1): 56–60.

Rodriguez L.M., K.T. Konstantinidis (2016) The enveomics collection: a toolbox for specialized analyses of microbial genomes and metagenomes. Peer J Preprints 4: e1900v1.

Santiago M.L., A. Espinosa, M.C. Bermúdez (2009) Uso de antibióticos en la camaronicultura. Rev. Mexicana de Ciencias Farmacéuticas 40: 22-32.

Seemann T. (2016) ABRicate: mass screening of contigs for antiobiotic resistance genes. https://github.com/tseemann/abricate (consultado el 15 de febrero de 2023).

Seemann T. (2014). Prokka: rapid prokaryotic genome annotation. Bioinformatics 30 (14): 2068–2069.

Shandera W.X., J.M. Johnston, B.R. Davis, P.A. Blake (1983). Disease from Infection with *Vibrio mimicus* a newly recognized *Vibrio* Species. Ann. Intern. Med. 99: 169-171.

Shinoda S., T. Nakagawa, L. Shi, K. Bi, Y. Kanoh, K. Tomochika, S. Miyoshi, T. Shimada (2004) Distribution of virulence-associated genes in *Vibrio mimicus* isolates from clinical and environmental origins. Microbiol Immunol 48 (7): 547-551.

Tercero-Alburo J.J., H. González-Márquez, E. Bonilla-González, E.I. Quiñones-Ramírez, C. Vázquez-Salinas (2014). Identification of capsule, biofilm, lateral flagellum, and type IV pili in *Vibrio mimicus* strains. Microb Pathog 76: 77-83.

Vezzulli L., M. Previati, C. Pruzzo, A. Marchese, D.G. Bourne, C. Cerrano, the VibrioSea Consortium (2010) *Vibrio* infections triggering mass mortality events in a warming Mediterranean Sea. Environ Microbiol 12: 2007–2019

Wick R.R., L.M. Judd, C.L. Gorrie, K.E. Holt (2016) Unicycler: resolving bacterial genome assemblies from short and long sequencing reads. PLoS Comput Biol 13(6): e1005595.

Wood D.E., S.L. Salzberg (2014) Kraken: ultrafast metagenomic sequence classification using exact alignments. Gen Biol 15 (3): R46.

Yu Z., E. Wang, Y. Geng, K. Wang, D. Chen, X. Huang, P. Ouyang, Z. Zuo, C. Huang, J. Fang, L. Yin, H. Guo, Z. Zhong (2020) Complete genome analysis of *Vibrio mimicus* strain SCCF01, a highly virulent isolate from the freshwater catfish. Virulence 11(1):23-31.

Zamudio M.L. (2005) Confirmación de *Vibrio mimicus* del brote de intoxicación alimentaria en Cuncashca-Carhuaz. Boletín - Instituto Nacional de Salud en Perú. 11: 75-76.

Zankari E., H. Hasman, S. Cosentino, M. Vestergaard, S. Rasmussen, O. Lund, F.M. Aarestrup, M.V. Larsen (2012) Identification of acquired antimicrobial resistance genes. J Antimicrob Chemother 67(11): 2640-4.

Este trabajo debe citarse como:

Jurquiza V., Haim M.S., Moroni M., Viñas M.R., Poklépovich T., Campos J. (2025). Primer reporte de detección y caracterización molecular de *Vibrio mimicus* en el Rio de la Plata por secuenciación de genoma completo. Contr. XIX Simposio Científico de la CTMFM – Colonia, Uruguay. Noviembre 2022. Frente Marítimo 27: 26-31.