

DISEMINACIÓN DE *ENTEROCOCCUS FAECIUM* CON RESISTENCIA A GLICOPEPTIDOS (VREFM) DEL COMPLEJO CLONAL 17 EN ARGENTINA

FACCONE, DIEGO(1); ABEL, SOFIA(1); LOPEZ RUITTI, PAULA(1); GAGETTI, PAULA(1); CORSO, ALEJANDRA(1)

(1) Servicio Antimicrobianos. Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas (INEI), ANLIS Dr. C Malbrán

Introducción: Los enterococos son patógenos causantes de infección nosocomial que han adquirido resistencia a casi todos los antimicrobianos, incluyendo los glicopéptidos. Las infecciones nosocomiales por VREfm se han asociado con la diseminación de aislamientos genéticamente relacionados al Complejo Clonal 17 (CC17). Actualmente el CC17 está integrado por aislamientos con diversos Sequence Type (ST) definidos por MLST, pero conserva dos características fuertemente asociadas a este Complejo Clonal: i) el alelo 1 del gen *purK* (según MLST) y ii) la presencia del gen *esp* (proteína de superficie). En un estudio previo caracterizamos molecularmente los primeros 189 VREfm de Argentina, y determinamos que la resistencia a VAN estaba mediada primariamente por el gen *vanA*. Por Smal-PFGE se discriminaron 35 tipos clonales, sin embargo el 57% de los aislamientos se agrupó en un único clon dominante A.

Objetivo: El presente trabajo tuvo como finalidad evaluar la posible relación genética entre los clones de VREfm de Argentina y el CC17.

Materiales & Metodos: Los 189 VREfm estudiados procedían de 30 Htals, 20 de Cap. Fed. (n: 125/66.1%), 6 de Prov. Bs. As. (n: 52/27.5%) y 4 de Cordoba, Santa Fe y Chaco (n: 12/6.4%). Las cepas fueron colectadas de muestras de hisopado rectal (n/%) (145 /77), orina (17/9), sangre (9/5) y otros (18/9). 186/189 aislamientos portaban el gen *vanA* y los 3 restantes el gen *vanB*. Los VREfm fueron resistentes: 98% ampicilina, 100% vancomicina, 98% teicoplanina, 100% eritromicina, 99% ciprofloxacina, 96% estreptomomicina, 77.2% gentamicina, 6.3% tetraciclina y 3.7% cloranfenicol. El gen *esp* se detectó por PCR (Leavis H., et al. JCM 44:1059-64, 2006). La secuenciación de los genes *purK*, *atpA*, *ddl*, *gdh*, *gyd*, *pstS* y *adk* se realizó según el esquema definido para la técnica de MLST para esta especie.

Resultados: Analizando un aislamiento representativo del clon mayoritario A y uno de cada uno de los 34 tipos clonales restantes, se determinó que 25 de estos clones portaban el gen *esp*, representando el 92,3% del total de los aislamientos. Al secuenciar el gen *purK* de los dos clones mayoritarios A (57%) y B (7%) y comparar con la base de datos de MLST (<http://efaecium.mlst.net/>) se confirmó que las secuencias presentaban 100% de homología con la correspondiente al alelo 1, asociada al CC17. Las secuencias de los 6 genes restantes del esquema de MLST en los mismos clones confirmó que ambos pertenecen al ST=17.

Conclusiones

Conclusión: El análisis de los resultados de los genes *esp* y *purK* en los 2 clones mayoritarios, A y B (64%), sugiere que el CC17 es el principal responsable de la emergencia y diseminación de VREfm en Argentina. Estos resultados fueron confirmados al determinar que ambos clones corresponden al ST=17, genotipo fundador del CC17. En el mismo sentido, la presencia del gen *esp* en la mayoría de los VREfm (>90%) indicaría que estos clones hospitalarios tienen como origen común el CC17. Nuestros resultados concuerdan con la hipótesis de que todos los aislamientos de VREfm causantes de infección hospitalaria circulantes en la actualidad comparten un origen ancestral con el CC17.