

E. coli Productores de CTX-M-15 Causante de Infección Adquirida en la Comunidad Asociados a ST131 y ST44

Faccone, Diego (1), Pasteran, Fernando (1), Navarro, Osvaldo (3), Rapoport, Melina (1), Chinen, Isabel (2), Corso, Alejandra (1).

(1) Servicio Antimicrobianos (LNR), (2) Servicio Fisiopatogenia, Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas-ANLIS "Dr. C. Malbran", Buenos Aires; (3) Laboratorio Central, San Juan, Argentina.

E-mail: dfaccone@anlis.gov.ar

Introducción:

Las beta-lactamasas de espectro extendido (BLEE) tipo CTX-M están ampliamente diseminadas, siendo la variante alélica CTX-M-2 endémica en nuestro país. En los últimos años se describe a nivel mundial la diseminación de *E. coli* ST131 productor de CTX-M-15 (Eco ST131 CTX-M-15) causante de infección adquirida en la comunidad. Eco ST131 CTX-M-15 generalmente está asociado con la presencia del gen *acc(6)-Ib-cr*. En América Latina (AL) solo se reportaron casos de Eco ST131 CTX-M-15 en Brasil, Colombia y recientemente en Argentina, mientras que *E. coli* ST405 productor de CTX-M-15 sólo fue descrito en Colombia.

Resultados:

- ECO1 y ECO2 presentaron sensibilidad a amicacina, cloranfenicol, fosfomicina, minociclina, tigeciclina, colistín y carbapenemes. ECO2 presentó adicionalmente sensibilidad a gentamicina, nitrofurantoína y trimetoprima-sulfametoxazol.
- ECO1 y ECO2 presentaron resistencia a cefalosporinas y fluorquinolonas. ECO2 también mostró resistencia a tetraciclina.

-Ambos aislamientos mostraron actividad de BLEE tipo cefotaximasa. Por PCR multiplex se determinó que el aislamiento ECO1 contiene el gen *ctx-m-15* y es negativo para el operon *afa* y el serotipo 250b (gen *rfbO25b*). El aislamiento ECO2 presentó los genes *ctx-m-15* y *rfbO25b* (serotipo O25b) (Figura 1).

La presencia de la variante alélica CTX-M-15 se confirmó por secuenciación en ambas cepas.

- Ningún aislamiento presentó el gen *aac(6)-Ib-cr*.

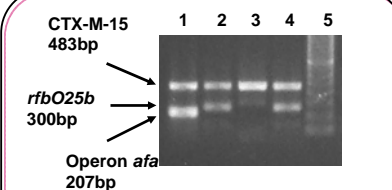
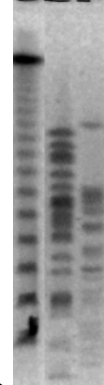


Figura 1. PCR multiplex.

Calle 1: Control positivo para *ctx-m-15* y *afa*.
Calle 2: ECO2 positivo para *ctx-m-15* y *rfbO25b*.
Calle 3: ECO1 positivo sólo para *ctx-m-15*.
Calle 4: Control positivo para *ctx-m-15* y *rfbO25b*.
Calle 5: marcador de peso molecular de 100bp.

Figura 2. XbaI-PFGE.



Calle 1: Lambda PFG Marker
Calle 2: Eco 2
Calle 3: Eco 1

Objetivo:

Reportar la aparición de *E. coli* ST131 y ST44 productores de CTX-M-15 en aislamientos de Argentina causantes de infección adquirida en la comunidad.

Métodos:

- Dos aislamientos de *E. coli* BLEE (+) (ECO1 y ECO2) recuperados de infección urinaria de inicio en la comunidad, procedentes de la provincia de San Juan, fueron derivados al LNR para su caracterización molecular. Estos fueron recuperados los días 20-julio (ECO1) y 28-agosto (ECO2) de 2010 de mujeres adultas (45 y 85 años, respectivamente) con infección recurrente del tracto urinario.
- La sensibilidad a los antimicrobianos se evaluó por el método de difusión según CLSI.
- La presencia del antígeno O25b fue evaluado por serotipificación y PCR (gen *rfbO25b*).
- La confirmación de BLEE se realizó por PCR. La variante alélica de CTX-M se determinó por PCR y secuenciación (BigDye terminator).
- Por PCR multiplex se evaluó la presencia de los genes *ctx-m-15*, *rfbO25b* y el operon *afa FM955459* asociados a *E. coli* O25b:H4-ST131 (Blanco, M. JAC, 63:1135-41; 2009).
- La presencia del gen *acc(6)-Ib-cr* se determinó por PCR alelo específica.
- La relación genética entre aislamientos se evaluó por XbaI-PFGE.
- El escuenciotipo (ST) de MLST se determinó según el esquema definido en <http://mlst.ucc.ie/mlst/dbs/Ecoli>.

- Los aislamientos no se encontraban genéticamente relacionados (Figura 2).

- Por secuenciación se determinó que el aislamiento ECO1 pertenece al ST44, mientras que ECO2 al ST131 del esquema de MLST definido para *E. coli* (Figura 3).

Cepa	ST	<i>adk</i>	<i>fumC</i>	<i>gyrB</i>	<i>icd</i>	<i>mdh</i>	<i>purA</i>	<i>recA</i>	Figura
ECO2	131	53	40	47	13	36	28	29	3A
ECO1	44	10	11	4	8	8	8	7	3B

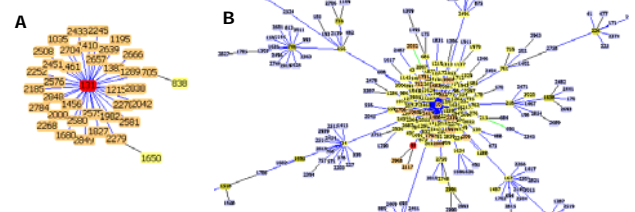


Figura 3. Agrupamientos genéticos por MLST. Complejos clonales 131 (panel A) y 10 (panel B, figura parcial). En rojo se resaltan los ST 131 (A) y 44 (B). En naranja se resaltan las variantes de alelo simple (SLV) y en amarillo las variantes de alelo doble (DLV). Figura generada con el software Phyloviz.

Este es el primer reporte de *E. coli* de ST44 productor de CTX-M-15 en Argentina.

La presencia de distintos clones de *E. coli* productores de CTX-M-15 en el país, incluyendo el ST131 ampliamente diseminado a nivel mundial, nos alertan sobre las potenciales dificultades en el manejo de las infecciones urinarias de origen comunitario como así también de la importancia de la vigilancia de BLEE en aislamientos de origen comunitario.

Conclusiones