

***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.

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 solo fue descrito en Colombia.

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). 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 secuenciotipo (ST) se determinó según el esquema definido en <http://mlst.ucc.ie/mlst/dbs/Ecoli>.

Resultados: Ambos aislamientos ECO1 y ECO2 presentaron sensibilidad a ampicilina, cloranfenicol, fosfomicina y minociclina, y resistencia a cefalosporinas y fluorquinolonas. ECO2 presentó adicionalmente sensibilidad a gentamicina, nitrofurantoina y trimetoprima-sulfametoxazol, y resistencia a tetraciclina. Ambos aislamientos mostraron actividad de BLEE tipo cefotaximasa. Se confirmó la presencia de la variante alélica CTX-M-15 en ambas cepas. Los aislamientos mostraron sensibilidad adicional a tigeciclina, colistin y carbapenemes. ECO2 se correspondió con el serotipo O25b mientras que ECO1 pertenece al ST44 y ECO2 a ST131. Ningún aislamiento presentó el gen *aac(6)-Ib-cr*.

Conclusiones: Este es el primer reporte de *E. coli* del 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.