

CAM-ALAM 2016 – 26-30/09 ROSARIO, STA FE

MA-0122

Caracterización molecular de los mecanismos circulantes de resistencia a quinolonas (QR) en Salmonella enterica aisladas en el Continente Americano. Red Latinoamericana de Vigilancia de la Resistencia a los Antimicrobianos (RELAVRA).

C Duarte¹, M Galas², C Lucero², J Campos², C Revollo³, D Dos Prazeres Rodriguez⁴, S Prat⁵, A Arévalo¹, P Diaz¹, A Tijerino⁶, C Pesantes⁷, S Jiménez de Fuentes⁸, C Valenzuela⁹, C Morales¹⁰, I Hernandez¹¹, MV Calderon¹², R Bolaños¹³, N Weiler¹⁴, ML Zamudio¹⁵, A Nabon¹⁶, P Ramon Pardo¹⁷, E Perez¹⁷, J Matheu¹⁸, T Vodoviz¹⁹, D Brabant¹⁹, R Melano¹⁹

Las fluoroquinolonas (FQ) son drogas de elección para el tratamiento de infecciones sistémicas causadas por salmonellas multirresistentes. Hay muchos trabajos que probaron las fallas de tratamiento en infecciones por aislamientos que presentan algún mecanismo de QR (CIMs de ciprofloxacina (CIP) superiores a 0,06 µg/ml). No existen estudios acerca de los mecanismos de QR en Salmonella enterica que circulan a nivel continental y por ende se desconocen los fenotipos esperables y el grado de dificultad que podría representar su detección en los laboratorios clínicos de la región. **Objetivo.** Caracterizar los mecanismos de QR circulantes en S. enterica (incluyendo S. Typhi, S. no Typhi y S. Paratyphi) en aislamientos humanos recuperados en distintos países del continente. **Materiales y Métodos.** Se estudiaron un total de 337 aislamientos clínicos de S. enterica provenientes de 17 países (Argentina, Bolivia, Brasil, Chile, Colombia, Costa Rica, Ecuador, El Salvador, Guatemala, Honduras, México, Nicaragua, Panamá, Paraguay, Perú, Uruguay y la prov. de Ontario, Canadá), recuperados en 2013. Se incluyeron, por participante, ~20 aislamientos consecutivos no sensibles a CIP (≤ 30 mm, CIM ≥ 0.12 µg/ml) y/o a ácido nalidíxico (NAL) (≤ 21 mm, CIM ≥ 4 µg/ml), y 5 sensibles. Se confirmó la sensibilidad por microdilución en agar según CLSI. Las regiones determinantes de resistencia a quinolonas de los genes gyrA, gyrB, parC y parE fueron amplificadas y secuenciadas. Los mecanismos plasmídicos de QR (PMQR) [qnrA, qnrB, qnrC, qnrD, qnrS, aac(6')-Ib-cr, qepA y oqxAB] se detectaron mediante multiplex PCR, y los alelos se identificaron mediante secuenciación. **Resultados.** Las mutaciones en gyrA (S83F/Y o D87N/Y/G) fueron el mecanismo de QR más comúnmente detectado (46,3%), siendo el rango de CIMs de xx-xx µg/ml cuando se encuentra como único mecanismo. Solo un 1,2% de los aislamientos fueron doble mutantes gyrA (S83F/Y o D87N/Y) -parC (S80I/R) (CIMs de xx-xx µg/ml). qnrB fue el PMQR más frecuentemente encontrado en la muestra analizada (26,7%) (CIMs de xx-xx µg/ml). En menor medida también fueron identificados oqxAB (3,4%), qnrS1/3 (1,5%) y aac(6')-Ib-cr (0,3%). Solo un 5% de los aislamientos presentaron la combinación 1er mutación en gyrA más un PMQR: S83F/Y + oqxAB, n=4; D87N + oqxAB, n=3; S83F/Y + qnrB5/19, n=6; D87N/G + qnrB5/19, n=3; D87N + qnrS1/3, n=1, presentando un rango de CIMs de xx-xx µg/ml. **Conclusiones.** Se detectó una prevalencia muy baja de doble mutantes gyrA-parC, por lo que el alto nivel de QR es un fenómeno raro en la región. Sin embargo, la importante presencia en la muestra de mecanismos que reducen la sensibilidad a CIP (primera mutación en gyrA y PMQR) pone en riesgo el uso de CIP para el tratamiento de infecciones extraintestinales por S. enterica en la región. Este 1er estudio Continental extensivo de mecanismos de resistencia a FQ en Salmonella nos permite conocer la situación regional y pone en evidencia la importancia de la RELAVRA como marco para el desarrollo de proyectos transversales de impacto en salud pública.