

VIII CONGRESO DE LA SOCIEDAD ARGENTINA DE BACTERIOLOGÍA, MICOLOGÍA Y PARASITOLOGÍA CLÍNICAS (SADEBAC), 6-9 DE NOVIEMBRE DE 2018, BUENOS AIRES

CARACTERIZACIÓN DE GENES *qnrE* EN ENTEROBACTERIAS CLÍNICAS DE ARGENTINA

Y DESCRIPCIÓN DE UN NUEVO ALELO, *qnrE7*

MARTINO Florencia¹, ALBORNOZ Ezequiel¹, TIJET Nathalie², MELANO Roberto G², CORSO Alejandra¹, PETRONI Alejandro¹

¹Servicio Antimicrobianos, INEI-ANLIS "Dr. Carlos G. Malbrán", Buenos Aires, Argentina. ²Public Health Ontario Laboratory, Toronto, Ontario, Canadá.

Introducción En Argentina, se describió recientemente una nueva familia de genes *qnr* (resistencia a quinolonas), denominada *qnrE*. Su primer miembro, *qnrE1*, se encontró en el aislamiento clínico *Klebsiella pneumoniae* (*Kpn*) Q1130. *qnrE1* también se detectó en *Kpn* Kp145/11 y Kp41 de Brasil. En banco de datos hay 5 variantes alélicas de *qnrE1*, denominadas aquí *qnrE2* a *qnrE6*, localizadas en el cromosoma de *Enterobacter* spp. (*qnrE2-qnrE5*) y en un plásmido de *Escherichia coli* (*Eco*) EcoI_422 (*qnrE6*, Ecuador). *qnrE1* y *qnrE6* habrían sido movilizados por *ISEcp1* desde el cromosoma de *Enterobacter* spp. a plásmidos de Q1130, Kp145/11, Kp41 y EcoI_422. **Objetivo:** analizar la presencia de genes *qnrE* en aislamientos clínicos de *Enterobacter* spp., *Kpn* y *Eco* de Argentina.

Materiales y Métodos Se analizaron 81 aislamientos [46 *Enterobacter cloacae* (*Ecl*), 16 *Enterobacter aerogenes* (*Eae*), 15 *Kpn* y 4 *Eco*] recolectados en 39 hospitales de 16 provincias y la CABA. Para *Ecl* y *Eae*, se incluyeron todos los aislamientos de 2 colecciones previas de enterobacterias: colección A (1058 aislamientos consecutivos recolectados en un mismo periodo de 2007; 38 *Ecl* y 14 *Eae*) y B [105 aislamientos con sensibilidad reducida a ciprofloxacina (SRC), recolectados en 2005-2008; 8 *Ecl* y 2 *Eae*]. Para *Kpn* y *Eco* se incluyeron todos los casos con SRC de ambas colecciones en los que no se detectaron mecanismos plasmídicos de resistencia a quinolonas ni mutaciones en el codón 83 de *gyrA*, asociadas a resistencia a estas drogas. La sensibilidad a quinolonas se analizó por difusión por discos (CLSI). La conjugación biparental, las PCR y la secuenciación de genes *qnrE* se realizaron por métodos estándar. La secuenciación de genoma completo (WGS) se realizó usando la tecnología Illumina y un secuenciador MiSeq. Las lecturas obtenidas se ensamblaron utilizando Velvet y SPAdes.

Resultados Se detectaron genes *qnrE* en 3 de los 81 aislamientos: *Ecl* Q3036 (colección A), *Ecl* M9773 y *Kpn* M9257 (ambos de la colección B). La prevalencia de estos genes en *Ecl*, estimada con los aislamientos de la colección A (consecutivos), fue de 2,6% (1/38). Por secuenciación, se observó que M9773 y M9257 contenían *qnrE3* y *qnrE1*, respectivamente, mientras que Q3036 tenía un nuevo alelo, designado *qnrE7*, con máxima identidad (98,8%) con *qnrE1* y cuyo producto proteico difería de QnrE1 en 1 aminoácido. Por conjugación biparental, solo se obtuvieron transconjugantes para *Kpn* M9257, indicando localización plasmídica para *qnrE1*. Por WGS de M9257 se observó que *qnrE1* estaba asociado a *ISEcp1*, pero en una estructura distinta a las descritas en Q1130, Kp145/11, Kp41 y EcoI_422. Por PCR, se observó que *qnrE3* y *qnrE7* no estaban asociados a *ISEcp1* y que sus entornos genéticos eran muy similares al contexto cromosómico de *qnrE2-qnrE5* en *Enterobacter* spp..

Conclusiones Se identificó un nuevo alelo, *qnrE7*. Este trabajo es la primera descripción de *qnrE3* en América Latina. El hallazgo en *Kpn* M9257 de *qnrE1* asociado a *ISEcp1* en una nueva estructura es una nueva evidencia de que *ISEcp1* participa activamente en la captura y diseminación de *qnrE1*.