

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

"*Escherichia coli* extraintestinales productoras de carbapenemasas de Argentina: diversidad clonal y detección de los clones hiperepidémicos CC10 y CC131"

Denise De Belder, Adriana Rosato, Celeste Lucero, Melina Rapoport, Diego Faccone, Josefina Campos, Alejandro Petroni, Claudia Van der Ploeg, Fernando Pasteran, Grupo "Carbapenemasas-ExPEC", Alejandra Corso y Sonia Gomez.

INTRODUCCIÓN: La diseminación global de *Escherichia coli* extraintestinales (ExPEC) se debió al complejo clonal multirresistente e hiperepidémico (CC) 131 (ST131 y STs relacionados) de alto riesgo por haber adquirido características adaptativas que aumentan su patogenicidad. Hoy, este clon también se asocia a plásmidos productores de carbapenemasas como KPC y NDM. Recientemente, el CC10 (ST10 y STs relacionados) ha sido reconocido como un reservorio de *mcr-1*. En un estudio previo encontramos 5 de 29 aislamientos clínicos de ExPEC pertenecientes al ST131 productoras de KPC sin vínculos epidemiológicos entre sí.

OBJETIVOS: Caracterizar por secuenciación masiva de genoma (WGS) ExPEC productoras de carbapenemasas en nuestro país.

M&M: Entre julio de 2008 y marzo de 2017 se derivaron al Laboratorio Nacional de Referencia en Resistencia a los Antimicrobianos 160 aislamientos de ExPEC productoras carbapenemasas. Se seleccionaron 73 aislamientos confirmados como productoras de KPC-2 (n=54), NDM-1 (n=16), IMP-8 (n=2) y VIM-2 (n=1) con el siguiente criterio: uno por paciente, provenientes de 47 instituciones y 10 ciudades. La relación genética fue establecida por Xba-I-PFGE y MLST. Para WGS el ADN fue extraído usando DNeasy Blood and Tissue Kit (QIAGEN). Las bibliotecas se realizaron con Nextera XT DNA Library Preparation Kit (Illumina, US) y los genomas fueron secuenciados en un Illumina HiSeq2000 utilizando la química Nextera XT para construir las bibliotecas en Weill Cornell University (New York, NY). El ensamble de contigs se realizó con CLC Genomics workbench (CLC bio, Qiagen). El análisis de MLST se realizó en <https://pubmlst.org/>. Los genes de resistencia acompañantes, serotipos y genes de virulencia fueron analizados en Center for Genomic Epidemiology (<https://cge.cbs.dtu.dk/services/>). Los serotipos fueron confirmados por serología (antisueros específicos INPB-ANLIS).

RESULTADOS: Para este trabajo se analizaron 59 de los 73 genomas secuenciados. Los 59 aislamientos se diferenciaron en 59 pulsotipos (PFGE) y 31 secuenciotipos (ST). El CC10 representó el 17% (10/59) de los ExPEC (ST10, n=7; ST617, n=1; ST167, n=1; ST44, n=1) provenientes de 3 provincias y AMBA. Fueron productoras de KPC (n=6), NDM (n=3), e IMP (n=1) y expresaron diversos serotipos. El CC131 (ST131) representó el 13.5% (8/59), provenientes de 5 provincias y el AMBA; fueron productoras de KPC (n=7) (4 de éstos además coproducían bla_{CTXM}) o VIM (n=1). En 6 de éstos se confirmó el O25:H4 por serología y WGS. Los factores de virulencia mayoritarios (6/8) en ST131 fueron los genes *sat* (*secreted autotransporter toxin*) y *iss* (*serum survival gene*).

CONCLUSIONES: Observamos gran diversidad clonal entre los aislamientos ExPEC productoras de carbapenemasas de Argentina. No obstante, dos CC hiperepidémicos CC10 y CC131 se encuentran circulando en distintas regiones geográficas del país portando distintas carbapenemasas.