

XV CONGRESO ARGENTINO DE MICROBIOLOGIA (CAM 2019)
25 A 27 DE SEPTIEMBRE DE 2019 - BUENOS AIRES
TRABAJOS PRESENTADOS POR EL SERVICIO DE ANTIMICROBIANOS

Jueves 26 de septiembre: Poster SAMIGE 0395

SAMIGE - Microbiología Molecular

0395 - PLATAFORMAS PORTADORAS DE BLAVIM-2 EN DIFERENTES ESPECIES DE PSEUDOMONAS GRUPO PUTIDA: CARACTERIZACIÓN MOLECULAR Y EVENTOS INVOLUCRADOS EN SU DISEMINACIÓN

BROVEDAN, Marco 1 | MARCHIARO, Patricia1 | FACCONI, Diego2 | CORSO, Alejandra2 | PASTERAN, Fernando2 | VIALE, Alejandro1 | LIMANSKY, Adriana1

INSTITUTO DE BIOLOGÍA MOLECULAR Y CELULAR DE ROSARIO (IBR-CONICET, FCBYF, UNR) 1; INEI-ANLIS "DR. CARLOS G. MALBRÁN" 2

Introducción y Objetivos: La producción de β -lactamasas constituye el principal mecanismo de resistencia a carbapenemes en bacilos Gram-negativos, siendo las metalo- β -lactamasas (M β LS) adquiridas las de mayor relevancia clínica. En particular, VIM-2 es una de las M β LS prevalentes en el mundo, detectada esencialmente en el patógeno oportunista *Pseudomonas aeruginosa* (Pae), y en menor medida en especies ambientales/oportunistas de *Pseudomonas* grupo putida (*P. g putida*). El objetivo es caracterizar las plataformas involucradas en el ensamble y diseminación de elementos genéticos móviles (EGM) portadores de blaVIM-2 en especies de *Pseudomonas* spp así como evidenciar el rol de *Pseudomonas* spp. como "fábrica" ambiental de EGM de implicancia clínica, y de nexo entre especies ambientales y patógenos oportunistas.

Materiales y Métodos: Se incluyeron aislamientos clínicos de *P. g putida* (n: 13) y de Pae (n: 1) productores de VIM-2 provenientes de pacientes de hospitales de Rosario o Buenos Aires. La identificación se basó en el análisis filogenético de secuencias concatenadas del ARNr 16S, gyrB y rpoD, e incluyó 19 cepas de referencia. La identidad de aislamientos de la misma especie fue establecida mediante OD-PCR. El gen blaVIM-2 y su entorno genético fueron identificados por PCR/secuenciación; y la localización del gen mediante ensayos de 477 transferencia de ADN, así como digestión de ADN genómico con S1 o XbaI seguido de electroforesis in situ/Southern blot utilizando blaVIM-2 como sonda.

Resultados: El análisis filogenético identificó 7 especies de *P. g putida*, incluyendo *P. asiática* (n: 4); *P. putida* (n: 2); *P. monteilli* (n: 2); *P. g putida/II* (n: 2); *P. g putida/I* (n: 1); *P. g putida/V* (n: 1); y una nueva especie asignada aquí como *P. g putida/VII* (n: 1). OD-PCR reveló clones diferentes para *P. putida*, *P. monteilli* y *P. g putida/II*. Por su parte, los 4 aislamientos de *P. asiática* constituyen 2 clones, PaA (n: 3) y PaB (n: 1). El entorno de blaVIM-2 en 13/14 aislamientos totales reveló que se encuentra en integrones/transposones (In/T) tipo-Tn402 con la maquinaria de transposición completa, denominados Tn6335 y Tn6336 (en 11/13 y 2/13 aislamientos, respectivamente), mientras que el aislamiento restante exhibe un In/T incompleto. El análisis de localización de las plataformas permitió identificar plásmidos conjugativos tipo-pLD209 portadores de blaVIM-2 en 6 cepas de *P. g putida*, denominados así por su similitud con pLD209 1; y un plásmido de elevado peso molecular en Pae. Los restantes aislamientos (n: 7) evidenciaron portación cromosomal de blaVIM-2.

Conclusiones: Los resultados en conjunto muestran la capacidad de diferentes especies de *P. g putida* para intercambiar plásmidos y entre éstas con Pae; así como la funcionalidad del Tn6335 y Tn6336, detectados en plásmido como en cromosoma. Este análisis revela la prevalencia de dichos In/T y de plásmidos tipo-pLD209 en especies de *P. g putida* de nuestro país, y confirma la diseminación de blaVIM-2 ligada no sólo a cepas epidémicas, sino a la transferencia de EGM prevalentes. 1- Marchiaro et al., 2014. AAC 58:1816-1821.