

RA04

CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE *Escherichia coli* RESISTENTES A COLISTIN RECUPERADOS DE LOBOS MARINOS DE UN PELO DE RÍO NEGRO, ARGENTINA

Faccone D^{1,2}; Rapoport M¹; Lorenti EA^{3,4}, Albornoz E¹; Origlia J⁴, Nieves H⁴, Giacoboni GI⁴; Corso A¹

¹Servicio Antimicrobianos, Laboratorio Nacional de Referencia en Resistencia a los Antimicrobianos (LNR), INEI-ANLIS “Dr. Carlos G. Malbrán”, ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET); ³Centro de Estudios Parasitológicos y de Vectores (CEPAVE) CCT CONICET–UNLP, La Plata; ⁴Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Veterinarias, UNLP.

dfaccone@anlis.gob.ar

La resistencia a colistín (R-COL) puede ser causada por mutaciones cromosómicas en los genes *pmrA/B*, *phoP/Q* o *mgrB*, como así también por la adquisición de genes transferibles como *mcr*, siendo *mcr-1* el más diseminado. La búsqueda de mecanismos de resistencia en bacterias de la fauna silvestre es de relevancia en el contexto de la estrategia de Una Salud.

Caracterizar a nivel fenotípico y molecular aislamientos de *E. coli* resistentes a colistín recuperados de lobos marinos de un pelo *Otaria flavescens*.

Entre 2019-2022 se realizó un monitoreo de *E. coli* con R-COL en 140 muestras de materia fecal de lobos marinos *O. flavescens* en el Área Natural Protegida Punta Bermeja, Río Negro. En 79/140 muestras hubo desarrollo de *E. coli*. Se seleccionaron 148 *E. coli* para estudios de sensibilidad, de las cuales 11 presentaron R-COL (agar-spot 3µg/ml colistina). El perfil de sensibilidad se evaluó según CLSI-2022. Se realizó PCR monoplex para el gen *mcr-1* y multiplex para *mcr-2* a *mcr-5*. La secuenciación de genoma completo (WGS) se realizó con la tecnología Illumina, y se analizó con los programas ARIBA, AMRFinder-Plus (línea de comandos), y ResFinder, PlasmidFinder y MLST (<https://www.genomicepidemiology.org/>).

Los 11 *E. coli* con R-COL fueron negativos por PCR para la detección del gen *mcr-1*. Se seleccionaron 3/11 aislamientos para PCR multiplex, con resultado negativo para los genes *mcr-2*, *mcr-3*, *mcr-4* y *mcr-5*. Estos tres *E. coli* presentaron idéntico perfil de sensibilidad: R-COL y sensibilidad a ampicilina, cefazolina, amoxicilina-clavulanico, cloranfenicol, gentamicina, ampicacina, tetraciclina, ciprofloxacina y sulfametoxazol. Uno de estos aislamientos se analizó por WGS, y se confirmó la ausencia de los genes adquiridos *mcr-1* a *mcr-10*. La R-COL se asoció a la mutación cromosómica Val161Gly en la proteína PmrB. No se detectaron grupos de incompatibilidad de plásmidos, sugiriendo la ausencia de estos. El aislamiento fue secuencio-tipo ST1905, no asociado a ningún clon de alto riesgo.

Se describe la emergencia de R-COL en lobos marinos mediada por mecanismos cromosómicos en aislamientos de *E. coli*. La búsqueda y caracterización de bacterias resistentes en animales y ambientes silvestres es de relevancia para evaluar potenciales vías de movilización de clones y/o genes de resistencia.

PALABRAS CLAVE: *Escherichia coli*; resistencia a colistín; *mcr*;