

## XXIII CONGRESO SADI 2023, 13-15 SEPTIEMBRE 2023, BUENOS AIRES

### ESTUDIO DE AISLAMIENTOS CLÍNICOS INVASIVOS DE *ACHROMOBACTER SP.* DURANTE 2018-2022: GENOTIPIFICACIÓN Y SENSIBILIDAD A NUEVAS COMBINACIONES DE ANTIBIÓTICOS Y A CEFIDEROCOL (CFDC).

Sanchez Cristian<sup>1</sup>, Marchetti Paulina<sup>1</sup>, Rocca Florencia<sup>2</sup>, Prieto Mónica<sup>2</sup>, Corso Alejandra<sup>3</sup>, Fernando Pasteran<sup>3</sup>, Cipolla Lucía<sup>2</sup> (<sup>1</sup>Residencia de Microbiología Clínica, INEI ANLIS “Dr. Carlos G. Malbrán”; <sup>2</sup>Servicio de Bacteriología Especial, INEI ANLIS “Dr. Carlos G. Malbrán”; <sup>3</sup>Servicio de Antimicrobianos, INEI ANLIS “Dr. Carlos G. Malbrán”)

**Introducción:** *Achromobacter sp.* (ACH) es un bacilo gram negativo no fermentador distribuido en el ambiente relacionado a infecciones en humanos. Su patogenicidad oportunista se evidencia en pacientes inmunosuprimidos, fibroquísticos (FQ), EPOC e infecciones asociadas al cuidado de la salud. *A. xylosoxidans* (AXY) es la especie aislada más frecuente, seguido por *A. insolitus* (AIN), *A. ruhlandii* y *A. denitrificans*. El rol patogénico de éstos últimos aún está en discusión. Actualmente, la tipificación de ACH por MALDI-TOF (MT) a nivel de especie se encuentra limitada por la escasa cantidad de espectros presentes en las librerías, dificultando su interpretación. Existe un creciente interés en el estudio de ACH debido a su papel oportunista y por su multi resistencia antibiótica.

**Objetivos:** Caracterizar retrospectivamente aislamientos clínicos de ACH recuperados en el período 2018-2022 para estudiar su epidemiología y resistencia antibiótica.

**Materiales y métodos:** Se tipificaron 28 ACH por secuenciación del gen *ndrA*, MT y PFGE derivados al LNR de 12 hospitales (7 jurisdicciones). Se consideró un resultado confiable a nivel de género y especie con un score de 1.7-1.9 y  $\geq 2.0$  respectivamente. Se comparó la correlación entre secuenciación y MT. Se estudió la sensibilidad antibiótica: 1) CIM de CFDC por microdilución usando ID-CAMHB; 2) dilución en agar para ceftazidima/avibactam (CZA), aztreonam/avibactam (AZA), imipenem/relebactam (IMR) y piperacilina/avibactam (PIA) (DBO 4mg/L). Se interpretó CFDC según puntos de corte pK/pD de EUCAST ( $S \leq 2$  mg/L), CZA y AZA según EUCAST ( $S \leq 8$ - $R \geq 16$ mg/L,  $S \leq 4$ - $R \geq 8$ mg/L), e IMR y PIA según *P. aeruginosa* para CLSI ( $S \leq 2$ - $R \geq 8$ mg/L,  $S \leq 16$ - $R \geq 64$ mg/L).

**Resultados:** La especie más frecuente fue AXY (82%) seguido por AIN (18%). La concordancia entre métodos fue del 75%. Entre los 7 (25%) aislamientos discordantes, 5 presentaron un score  $\geq 2.0$ , y 2 a nivel de género. 4/5 AIN fueron mal identificados. Se subtipificó por PFGE demostrando heterogeneidad en los pulsotipos. Los porcentajes de sensibilidad a los antibióticos se muestran en la Fig-1.

Fig-1 % Sensibilidad a distintas drogas.

GRUPO	CFDC	PIA	AZA	CZA	IMR
TOTAL	93	100	0	68	86
AXY	100	100	0	61	83

<b>AIN</b>	60	100	0	100	100
------------	----	-----	---	-----	-----

CFDC: Cefiderocol, PIA: Piperacilina-Avibactam, AZA: Aztreonam-Avibactam, CZA: Ceftazidima-Avibactam, IMR: Imipenem–Relebactam. En verde se destacan los antimicrobianos con % de sensibilidad  $\geq 90\%$

**Conclusiones:** La secuenciación del gen *ndrA* permitió identificar ACH a nivel de especie, mientras que la base de datos comercial MT tuvo sus limitaciones, principalmente en AIN. Por PGFE se observó heterogeneidad excepto en dos pares de clusters relacionados epidemiológicamente provenientes de un paciente FQ y otro con absceso de córnea. CFDC, PIA e IMR presentaron buena actividad in vitro en ACH, a diferencia de AZA, probablemente por la presencia intrínseca cromosómica de blaOXA-114.