

Evaluación *in silico* de la capacidad de la PCR de *pilV-I* para la Identificación del Clon Hiperepidémico de *Klebsiella pneumoniae* ST258 en aislamientos contemporáneos

Florencia Martino, Mariano Echegorry, Sonia Gomez, Diego Faccone, Juan Manuel De Mendieta, Ezequiel Albornoz, Melina Rapoport, Alejandro Petroni, Grupo RECAPTAR-II, Fernando Pasteran, Alejandra Corso.

Introducción: El complejo clonal 258 (CC258) de *Klebsiella pneumoniae* (*Kpn*), con sus principales secuenciotipos ST258 y ST11, ha sido el principal responsable de la diseminación global de KPC. Los métodos tradicionales para identificar los clones hiperepidémicos como PFGE, MLST, WGS, son laboriosos, costosos y poco accesibles para los países de bajos y medianos ingresos (LMIC). La proteína PilV podría estar involucrada en la biogénesis de fimbrias, patogenicidad y virulencia. En un estudio previo, se demostró que una PCR dirigida al gen de la proteína PilV (*pilV-I*) tuvo una sensibilidad y especificidad de 100% para identificar *Kpn* ST258 (Gómez S., Infect Genet Evol. 2016). La capacidad de adaptación y evolución de *Kpn* resalta la importancia de evaluar los métodos moleculares para garantizar su efectividad a lo largo del tiempo.

Objetivo: Evaluar mediante análisis *in silico* la capacidad de la PCR de *pilV-I* para la identificación del clon de *Kpn* ST258 en aislamientos contemporáneos de *Kpn* y determinar su efectividad como método de tipificación.

Materiales y Métodos: Se secuenciaron por Illumina una selección de 78 *Kpn*, provenientes de un Corte Nacional de Prevalencia de Enterobacteriales portadoras de Carbapenemasas (RECAPTAR I) de infecciones, realizado en noviembre de 2021, que incluyó 183 hospitales y 23 jurisdicciones. La selección incluyó 25 STs: ST258 (n=25) y ST11 (n=20) del CC258 y 23 STs no-CC258 (n=33) (Tabla). Las carbapenemasas se analizaron con AMRFinderPlus, la PCR *in silico* de *pilV-I* se infirió en base a los alineamientos usando el algoritmo NCBI-BLAST y el MLST mediante <https://pubmlst.org/>.

Resultados: Las 25 *Kpn* del ST258, portadores de NDM-5 (16), KPC-2 (7), NDM-1 (1) y OXA-163 (1), alinearon con el amplicón esperado de PCR para *pilV-I*. De las 20 *Kpn* ST11, 5 dieron falso positivo para *pilV-I*, posiblemente debido a que el ST11 es una variante de locus único del ST258 y forma parte de este CC. Entre las 33 *Kpn* del grupo no-CC258, 31 no alinearon con *pilV-I* y sólo 2 lo hicieron de manera incompleta, por lo que se esperaba que no amplifique en un ensayo de PCR.

Conclusiones: Este estudio confirma que el ensayo de PCR de *pilV-I* presenta una SE de 100% y ES de 90,6% para la identificación del ST258 en aislamientos contemporáneos. Este ensayo continúa siendo un método práctico y de bajo costo para la implementación y seguimiento de este clon hiperepidémico en LMICs.

Tabla: Resultados de *pilV-I* para 78 *Kpn* secuenciadas por WGS. En las columnas se detallan los secuenciotipos (ST) de MLST, cantidad de aislamientos y resultados de los alineamientos de *pilV-I* esperados e inferidos.

XXIV Congreso SADI 26 al 28 de septiembre de 2024

<i>K. pneumoniae</i> Secuenciotipo	Nro. de aislamientos	Resultados de <i>pilV-I</i>		
		Esperado	Positivo inferido por WGS	Negativo inferido por WGS
ST258	25	+	25	0
ST11	20	-	5	15
ST15	4	-	0	4
ST25	4	-	0	4
ST307	4	-	0	4
ST13	2	-	0	2
ST111	2	-	0	2
ST5994	2	-	0	2
ST_nuevo	2	-	0	2
ST14	1	-	0	1
ST37	1	-	0	1
ST48	1	-	0	1
ST147	1	-	0	1
ST218	1	-	0	1
ST225	1	-	0	1
ST273	1	-	0	1
ST392	1	-	0	1
ST462	1	-	0	1
ST525	1	-	0	1
ST716	1	-	0	1
ST2632	1	-	0	1
ST5995	1	-	0	1
Nro. Total	78			