

Co-ocurrencia de β -lactamasas clínicamente relevantes y genes que codifican *mcr-1* en *Escherichia coli* en animales de compañía en Argentina

MARÍA VALERIA RUMI

Microbiología, Centro de Estudios Transdisciplinarios de Epidemiología (CETE), Instituto de Investigaciones en Bacteriología y Virología Molecular (IBaViM), Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Buenos Aires (UBA). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

mvrumi@fvvet.uba.ar

La resistencia antimicrobiana (RAM) es una preocupación creciente tanto en la salud pública como en medicina veterinaria. Los antibióticos (AB) β -lactámicos son muy usados en la clínica veterinaria por su amplio espectro, baja toxicidad, disponibilidad para uso parental y oral, y su bajo costo. A nivel mundial y en Argentina hemos observado el mismo comportamiento: se ha reportado un aumento de la resistencia a β -lactámicos en enterobacterias, principalmente asociado a la producción de enzimas β -lactamasas de espectro extendido (BLEE) y AmpC mediada por plásmidos, principales mecanismos de resistencia a las cefalosporinas de tercera generación. Estas β -lactamasas, que generalmente se hallan localizadas en plásmidos, pueden estar acompañadas de genes que codifican resistencia para aminoglucósidos, tetraciclinas, quinolonas y trimetoprima/sulfametoxazol, generando aislamientos multirresistentes (MR). Debido a la emergencia de estos aislamientos MR, la colistina fue nuevamente considerada para uso terapéutico como última línea de defensa para el tratamiento de infecciones causadas por bacterias gramnegativas MR, en particular

Enterobacteriaceae resistentes a carbapenemes. A poco tiempo de su reutilización, en China, se detectó por primera vez la aparición del gen de resistencia a la colistina móvil *mcr-1* transmitido por un plásmido y, desde entonces, se reconoció de forma explosiva en diferentes especies bacterianas en todo el mundo, incluso en aislamientos de hace más de diez años, donde parece haber circulado inadvertidamente. El estudio genotípico de cepas de *E. coli* recuperadas de muestras clínicas de caninos y felinos de Buenos Aires, nos permitió detectar la presencia de estas enzimas tipo AmpC (CMY-2) y BLEE (CTX-M de los grupos 1, 2 y 9), similares a las que circulan en enterobacterias recuperadas de aislamientos humanos de la región. Es para destacar que una alta proporción de estos aislamientos fueron MR y uno de ellos, además, presentó resistencia a colistina. Esta cepa uropatógena de *E. coli* portadora del gen *mcr-1*, constituye el primer aislamiento reportado de animales de compañía en América del Sur. El estudio en detalle, mediante la secuenciación completa del genoma, permitió caracterizar su resistoma, detectando genes de resistencia a β -lactámicos (*bla*CTX-M-2), aminoglucósidos (*aadA1* y *ant(2'')-Ia*), sulfonamidas (*sul1*), macrólidos (*mph(B)*) y al fenicol (*catA1*). El gen *mcr-1* presente en un plásmido conjugativo identificado como IncI2, fue exitosamente transferido mediante ensayos de conjugación. Los animales de compañía representan fuentes latentes de propagación de la RAM debido al amplio uso de antibióticos, tanto a nivel terapéutico como profiláctico, y por su estrecho contacto físico con los seres humanos, considerados como un integrante más del grupo familiar. En una verdadera estrategia basada en «Una Salud», es necesario conocer en detalle el uso de antimicrobianos en las poblaciones de seres humanos, ganado y, también, en los animales de compañía. Realizar un diagnóstico rápido y certero, monitorear la evolución del cuadro clínico y hacer un uso responsable de los AB son pilares fundamentales junto a la vigilancia integrada de la RAM, que

ayudará a disminuir el impacto de este fenómeno y limitar su propagación.

Palabras clave: resistencia antimicrobiana, *Escherichia coli*, caninos, felinos, betalactamasas, *mcr-1*.